

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局(43) 国際公開日
2001年2月8日 (08.02.2001)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 01/09317 A1(51) 国際特許分類: C12N 15/12, C07K
14/47, C12N 5/10, 1/21, 1/19, C12P 21/02, C07K 16/18,
G01N 33/53, 33/577, C12Q 1/02, 1/68

(21) 国際出願番号: PCT/JP00/05063

(22) 国際出願日: 2000年7月28日 (28.07.2000)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願平11/248036 1999年7月29日 (29.07.1999) JP
特願平11/300253 1999年8月27日 (27.08.1999) JP
60/159,590 1999年10月18日 (18.10.1999) US
特願2000/118776 2000年1月11日 (11.01.2000) JP
60/183,322 2000年2月17日 (17.02.2000) US
特願2000/183767 2000年5月2日 (02.05.2000) JP
特願2000/241899 2000年6月9日 (09.06.2000) JP(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 株式会社
ヘリックス研究所 (HELIX RESEARCH INSTITUTE)
[JP/JP]; 〒292-0812 千葉県木更津市矢那1532番地3
Chiba (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてののみ): 太田紀夫 (OTA,
Toshio) [JP/JP]; 〒251-0042 神奈川県藤沢市辻堂新町
1-2-7-105 Kanagawa (JP). 磯貝隆夫 (ISOGAI, Takao)
[JP/JP]; 〒300-0303 茨城県稲敷郡阿見町大室511-12Ibaraki (JP). 西川哲夫 (NISHIKAWA, Tetsuo) [JP/JP];
〒173-0013 東京都板橋区氷川町27-3-403 Tokyo (JP).
林 浩司 (HAYASHI, Koji) [JP/JP]; 〒299-0125 千
葉県市原市有秋台西1-9-446 Chiba (JP). 齋藤 薫
(SAITO, Kaoru) [JP/JP]; 〒292-0056 千葉県木更津市
木更津2-8-1-201 Chiba (JP). 山本順一 (YAMAMOTO,
Jun-ichi) [JP/JP]; 〒292-0041 千葉県木更津市清見台
東3-28-3-A101 Chiba (JP). 石井静子 (ISHII, Shizuko)
[JP/JP]; 〒292-0812 千葉県木更津市矢那4508-19-202
Chiba (JP). 杉山友康 (SUGIYAMA, Tomoyasu) [JP/JP];
〒292-0045 千葉県木更津市清見台2-6-23-102 Chiba
(JP). 若松 愛 (WAKAMATSU, Ai) [JP/JP]; 〒292-0014
千葉県木更津市高柳1473-4-202 Chiba (JP). 永井啓
一 (NAGAI, Keiichi) [JP/JP]; 〒207-0022 東京都東大
和市桜が丘3-44-14-9-204 Tokyo (JP). 大槻哲嗣 (OT-
SUKI, Tetsuji) [JP/JP]; 〒292-0055 千葉県木更津市
朝日3-1-10-B102 Chiba (JP). 油谷浩幸 (ABURATANI,
Hiroyuki) [JP/JP]; 〒180-0003 東京都武蔵野市吉
祥寺南町3-30-16 Tokyo (JP). 児玉龍彦 (KODAMA,
Tatsuhiko) [JP/JP]; 〒141-0021 東京都品川区上大崎
2-13-22-909 Tokyo (JP). 緑川 泰 (MIDORIKAWA,
Yutaka) [JP/JP]; 〒141-0022 東京都品川区東五反田
4-3-30-202 Tokyo (JP).(74) 代理人: 清水初志, 外 (SHIMIZU, Hatsushi et al.); 〒
300-0847 茨城県土浦市卸町1-1-1 関鉄つくばビル6階
Ibaraki (JP).(81) 指定国 (国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,
DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL,
IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV,
MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT,

/続葉有/

(54) Title: STOMACH CANCER-ASSOCIATED GENE

(54) 発明の名称: 胃癌関連遺伝子

(57) Abstract: A gene showing a change in the expression level in stomach cancer or stomach cancer metastatic focus. This gene and the protein encoded thereby are useful in presuming the cancerization of stomach cancer or the malignancy of scirrhous stomach cancer. Also, it is expected that the above gene and protein are usable as the target in designing drugs.

(57) 要約:

本発明は、胃癌や胃癌の転移巣において発現レベルが変化している遺伝子を提供する。本発明の遺伝子、ならびにそれがコードするタンパク質は、胃癌の癌化や、スキルス胃癌の悪性度の予測において有用である。また、胃癌の発生やその転移を防止するための創薬ターゲットとして期待できる。



RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA,
UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

添付公開 類:
一 国際調査報告

(84) 指定国 (広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW,
MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM,
AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT,
LU, MC, NL, PT, SE), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

2文字コード及び他の略語については、定期発行される
各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイダンスノート」を参照。

明細書

胃癌関連遺伝子

技術分野

本発明は、胃癌に関連する遺伝子に関する。

背景技術

胃癌は世界的に見ても日本人に多く見られる癌であり、日本における癌死亡原因の上位にランクされる重要な疾病である。胃癌は、早期に発見されて、早期に外科的に治療できたケースでは5年生存率も90%を超える良好な成績が得られている。一方、手術不能な進行癌や転移を有するケースでは有効な抗癌剤が開発されていないため、予後不良である。

臨床現場で有用な、胃癌特異的腫瘍マーカーが開発されていないことが、胃癌の早期発見を困難にしている。胃癌の発癌や悪性化と関連して発現が増加する遺伝子についての報告は少ないため、早期発見につながる胃癌の指標は知られていない。そのため胃癌の早期発見を目的とするスクリーニング方法として、X線間接撮影が広く行われてきた。しかしX線の被曝の機会を増やすことや、読影技術によって検査成績が大きく左右されることなどの問題点が指摘された。その後、血清ペプシノーゲンの値が、胃癌の先行病変である萎縮性胃炎を反映することが報告され、胃癌のスクリーニング方法に応用された。しかしペプシノーゲンは、胃で分泌される消化酵素の前駆体であり、胃癌治療の標的分子とすることはできない。また、ペプシノーゲン法は胃癌の悪性度の指標とはならない。

胃癌の原因遺伝子が同定されれば、その発現レベルや活性化を指標として胃癌の早期発見が可能となる。あるいは、胃癌の発癌や悪性化にともなって発現レベルが変化する遺伝子を見出すことができれば、やはり胃癌の早期発見や予後の推

定を容易にするものと期待できる。

一方、胃癌患者の中には、原発巣を切除したにもかかわらず治癒しなかった例（非治癒切除症例）もしばしば認められる。その大きな原因は、腹膜播種（peritoneal metastasis）である（外科治療 75: 96-102, 1996, Jpn. Surgery 19: 153, 1989）。腹膜播種は、胃癌切除手術後の再発形式で最も頻度の高いものである。腹膜播種に対する様々な治療方法が試みられたが、未だに十分な成績は得られていない。腹膜播種はスキルス胃癌（scirrhous gastric cancer）に特徴的な進展様式といえる（日病会誌 81: 21-49, 1992）。

胃癌の腹膜播種は、漿膜から遊離した癌細胞が腹膜に着床して増殖するという、単純な過程から成立しているものと予想される。しかし、腹膜内に遊離した癌細胞の全てが播種形成に至ることは無い。このことは、スキルス胃癌に由来する細胞をヌードマウスの腹腔に移植しても播種を形成する頻度が低いことから推測される。したがって、特殊な形質を有する細胞だけが播種の形成に至るのではないかと予想されているが、播種形成の詳細な機序については明らかにされていない。

これまでの報告によれば、次のような特徴を持つスキルス胃癌に比較的腹膜播種が多くみられるとされている（日消外会誌 23: 1813-1820, 1990、日消外会誌 25: 763-774, 1992）。

肉眼型では 3 型、あるいは 4 型の浸潤型

組織型では低分化型

高度のリンパ節転移陽性例

しかし現実には、このような臨床病理学的な特徴だけで腹膜播種形質を説明することは難しい。そこで、腹膜播種の機序を明らかにするために、高腹膜播種細胞株 OCUM-2MD3 が樹立された。OCUM-2MD3 は、腹膜播種を起こしにくい親株 OCUM-2M から誘導された亜株である。親株 OCUM-2M は、スキルス胃癌原発巣から樹立された胃癌細胞株で、腹膜播種はヌードマウスの腹腔に接種しても腹膜播種を起こすこ

とは稀である。一方その亜株OCUM-2MD3は、 5×10^6 個以上の細胞数で100%の播種形成が見られる(Br. J. Cancer 72:1200-1210, 1995, Clin & Exp Metastasis 14: 43-54, 1996)。OCUM-2MD3は、親株OCUM-2Mをマウスの腹腔に接種し、腹膜播種を起こした細胞を回収して再び培養系で増殖させ、更にこれをヌードマウスの腹腔に接種して認められた腹膜播種巣から樹立した細胞株である。これまでに樹立された胃癌細胞株の多くは腹膜播種を起こさないで、高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3は胃癌の腹膜播種の代表的なモデルとして用いられている。

高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3を実験材料として、腹膜播種に関連すると思われるいくつかの分子の存在が明らかにされた。たとえば細胞接着因子であるE-カドヘリンは、親株OCUM-2Mに比べてOCUM-2MD3において低下している。このことは、OCUM-2MD3が細胞間接着が弱く、そのため原発巣から離脱しやすいことを裏付けている。また、癌細胞の浸潤に密接に関連している細胞外マトリックス分解酵素MMPの一つであるMMP-1の産生が、親株OCUM-2Mに比べてOCUM-2MD3において上昇している。MMP-1は胃壁の構成タンパク質に特徴的なタイプ1コラーゲンやタイプ3コラーゲンに作用する酵素であることから、MMP-1の産生は原発巣から腹腔への離脱傾向を裏付けているといえる。事実、マトリゲルへの浸潤能をinvasion assayによって比較すると、OCUM-2MD3は親株OCUM-2Mに比べて高い浸潤能を示す。

他方、癌細胞の腹膜への接着を支える因子として、CD44Hや β_1 -インテグリンファミリーの存在が明らかにされた。これらの接着因子は、OCUM-2MD3で発現が亢進している。腹膜中皮に存在するヒアルロン酸がCD44の、そして腹膜間質を構成するフィブロネクチンやラミニンが β_1 -インテグリンファミリーのリガンドとして機能し、OCUM-2MD3の腹膜への接着を助けている可能性が示唆されている(Jap J. Cancer Res. 87:1235-1244, 1996, Br. J. Cancer 74:1406-1412, 1996)。

このように腹膜播種を裏付ける様々な因子の存在が明らかにされてきたが、その治療にはなかなか結びついていないといわざるを得ない。したがって、腹膜播種の治療に結びつく可能性を持った新たな因子の解明が望まれている。

発明の開示

本発明の課題は、胃組織の癌化や、胃癌の悪性度を反映してその発現レベルが変化する遺伝子の提供である。

本発明者らは、胃癌細胞と正常細胞との間で遺伝子の発現状態を比較することによって、癌細胞で発現レベルの変化している遺伝子を見出すことができると考えた。現在、数万個から十萬個と推定されているヒト遺伝子の中で、どの遺伝子の発現が胃癌で変化しているのかを明らかにするためには、多数の遺伝子の発現レベルを同時に比較解析できる技術が必須である。遺伝子の発現レベルの比較は、一般にディファレンシャル解析と呼ばれる解析手法である。ディファレンシャル解析には、従来northern blot法やRT-PCRが用いられていた。しかし、細胞で発現している全ての遺伝子を対象として、このような手法を適用するためには、莫大な労力と時間が必要になり、現実的でない。この他、遺伝子の発現状態の比較方法として、Differential Display法（DD法）も公知である。しかしDD法は、最終的に同定できる遺伝子の数が必ずしも多くないうえに高度な技術と多くの労力が必要とされる。

DNAチップは、予め塩基配列がわかっている数万から数10万種類におよぶオリゴヌクレオチド、あるいはポリヌクレオチドを高密度に固定したアレイで構成される。分析すべきターゲットを蛍光標識し、このプローブアレイと接触させる。ターゲットには、一般に様々な細胞に由来するcDNAや、cDNAを鋳型として合成されたcRNAが用いられる。ハイブリダイズ後にアレイを良く洗浄し、アレイ上に残る蛍光標識をスキャンして、どのプローブにターゲットがハイブリダイズしているのか、またその量はどの程度であるのかが明らかにされる。一連の操作は、ごく短時間に、しかも簡単に行うことができる。また1回の分析で数万から数10万種類におよぶ塩基配列について、個々の塩基配列の有無と量に関する情報が得られる。このようにして得られた情報は、発現プロファイル(expression profile)

と呼ばれている。ディファレンシャル解析をDNAチップによって行うには、異なる細胞の間で発現プロファイルを比較し、発現パターンの違っている塩基配列を選択すれば良い。

胃癌細胞に特異的に見出される遺伝子の発現レベルの変化を検出するには、例えば、胃癌細胞と正常細胞の組み合わせ、または原発性の胃癌細胞と転移癌細胞の組み合わせなどにおいて、遺伝子の発現レベルを比較し、胃癌細胞または悪性化において特異的に発現レベルが変化する遺伝子を同定する。このような考えかたに基づいて、本発明者らは、癌患者から採取した癌組織については、その癌腫と同じ組織に由来する正常組織や、転移腫瘍組織との比較を行った。

あるいは、高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3に特異的に発現している遺伝子を単離すれば、スキルス胃癌の腹膜播種に関連する因子を明らかにできる可能性がある。本発明者らは、基本的な遺伝形質が共通でありながら、腹膜播種を引き起こす能力においてのみ相違する親株であるOCUM-2Mとの比較を行うことによって、効率的な遺伝子の単離が行えるのではないかと考えた。

こうして選択された塩基配列をもとに、cDNAライブラリーをスクリーニングすれば、最終的に癌細胞で特異的に発現レベルが変化している遺伝子を単離することができる。cDNAライブラリーは、癌細胞や正常細胞から公知の方法によって合成することができる。しかし、一般的な方法で合成されたcDNAライブラリーを用いたクローニングと、遺伝子の構造決定は、複数のポジティブクロンの配列決定とアセンブルを繰り返す時間のかかる作業である。本出願人は、cDNAライブラリーとして本出願人が構築した全長cDNAライブラリーとその塩基配列を収録したデータベースを利用することにより、このスクリーニングをきわめて迅速に行えることを見出した。

本発明に用いた全長cDNAライブラリーは、オリゴキャップ法 [K. Maruyama and S. Sugano, Gene, 138: 171-174 (1994); Y. Suzuki et al., Gene, 200: 149-156 (1997)] を応用して合成した全長率の高いものである。その5'側塩基配列の全てと、

3' 側塩基配列の大部分が明らかにされている。またその全長塩基配列についても、順次明らかにされつつある。そしてこの明らかにされた部分塩基配列、あるいは全長塩基配列と、公知の遺伝子やESTの塩基配列とのホモロジーサーチの結果が、すでにデータベース化されている。

このデータベースを用いて、DNAチップによるディファレンシャル解析の結果に基づいて選択された塩基配列に一致する塩基配列を備えたクローンを見つけ出せば、ハイブリダイゼーションによるクローニングによらず全長cDNAクローンの取得が可能である。本発明は、このような経緯を経て完成された。すなわち本発明は、次のポリヌクレオチド、およびこのポリヌクレオチドによってコードされるタンパク質、並びにそれらの用途に関する。

表 1. 本発明による塩基配列とアミノ酸配列の配列番号の対応

配列名	塩基配列	アミノ酸配列
C-HEMBA1002150	1	2
C-HEMBA1002417	3	4
C-HEMBA1002475	5	6
C-HEMBA1002716	7	
C-HEMBA1003615	8	9
C-HEMBA1003805	10	11
C-HEMBA1004055	12	13
C-HEMBA1004669	14	15
C-HEMBA1004889	16	17
C-HEMBA1005621	18	19
C-HEMBA1006676	20	21
C-HEMBA1007085	22	23
C-HEMBB1001294	24	25
C-HEMBB1001482	26	27
C-HEMBB1002600	28	29
C-MAMMA1000284	30	31
C-MAMMA1000416	32	33
C-MAMMA1001388	34	35
C-MAMMA1002143	36	37
C-MAMMA1002351	38	39
C-MAMMA1002461	40	41
C-NT2RM1000039	42	43
C-NT2RM1000055	44	45
C-NT2RM1000355	46	47
C-NT2RM1001105	48	49
C-NT2RM2000101	50	51
C-NT2RM2000522	52	53
C-NT2RM2001345	54	55
C-NT2RM2001637	56	57
C-NT2RM2001696	58	59
C-NT2RM4000027	60	61
C-NT2RM4000514	62	63
C-NT2RM4001155	64	65
C-NT2RM4001382	66	67
C-NT2RM4002390	68	69
C-NT2RM4002593	70	
C-NT2RP2000289	71	72
C-NT2RP2000459	73	74
C-NT2RP2001327	75	76
C-NT2RP2001420	77	78
C-NT2RP2002193	79	80
C-NT2RP2002208	81	82
C-NT2RP2002606	83	84
C-NT2RP2003272	85	86
C-NT2RP2004013	87	88
C-NT2RP2004242	89	90
C-NT2RP2005360	91	92
C-NT2RP3000109	93	94
C-NT2RP3000605	95	96
C-NT2RP3001730	97	98
C-NT2RP3002273	99	100

C-NT2RP3002399	101	102
C-NT2RP3002818	103	104
C-NT2RP3002948	105	106
C-NT2RP3003290	107	108
C-NT2RP3003876	109	110
C-NT2RP3004041	111	112
C-NT2RP4000973	113	114
C-OVARC1000781	115	116
C-OVARC1001270	117	118
C-OVARC1001726	119	120
C-PLACE1000133	121	122
C-PLACE1000786	123	124
C-PLACE1001845	125	126
C-PLACE1004506	127	128
C-PLACE1005409	129	
C-PLACE1005603	130	131
C-PLACE1006037	132	133
C-PLACE1006469	134	135
C-PLACE1008947	136	137
C-PLACE3000242	138	139
C-PLACE4000052	140	141
C-THYRO1000401	142	143
C-Y79AA1000258	144	145
C-Y79AA1000784	146	147
C-Y79AA1001781	148	149

(1) 下記 (a) から (d) のいずれかに記載のポリヌクレオチド。

(a) 表 1 に示す配列番号に記載された塩基配列のいずれかを含むポリヌクレオチド、

(b) 表 1 に示す配列番号に記載のアミノ酸配列のいずれかからなるタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(c) 表 1 に示す配列番号に記載のいずれかのアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、および/または付加したアミノ酸配列からなり、前記アミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(d) 表 1 に示す配列番号に記載されたいずれかの塩基配列からなるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドによってコードされ、前記塩基配列によってコードされるアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

- 〔2〕 〔1〕に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質の部分ペプチドをコードするポリヌクレオチド。
- 〔3〕 〔1〕、または〔2〕に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質、または部分ペプチド。
- 〔4〕 〔1〕、または〔2〕に記載のポリヌクレオチドを含むベクター。
- 〔5〕 〔1〕、もしくは〔2〕に記載のポリヌクレオチド、または〔4〕に記載のベクターを保持する形質転換体。
- 〔6〕 〔5〕に記載の形質転換体を培養し、発現産物を回収する工程を含む、〔3〕に記載の蛋白質または部分ペプチドの製造方法。
- 〔7〕 〔1〕、または〔2〕に記載のポリヌクレオチド、またはその相補鎖に相補的な塩基配列からなる少なくとも15塩基の長さを有するポリヌクレオチド。
- 〔8〕 〔3〕に記載の蛋白質または部分ペプチドに対する抗体。
- 〔9〕 〔3〕に記載の蛋白質と、〔8〕に記載の抗体の免疫学的な反応を観察する工程を含む、免疫学的測定方法。
- 〔10〕 次の工程を含む、〔1〕に記載のポリヌクレオチドの発現を制御する化合物をスクリーニングする方法。
-
- (a) 胃癌細胞に候補化合物を接触させる工程、
- (b) 表1に示す配列番号に記載された塩基配列からなる遺伝子の胃癌細胞における発現レベルを、対照と比較する工程、
- (c) 遺伝子の発現レベルを変化させる候補化合物を選択する工程、
- 〔11〕 胃癌の発生および／または転移の制御における〔10〕に記載の方法によって得ることができる化合物の使用。
- 〔12〕 次の工程を含む、胃癌の検出方法。
- (a) 生体試料中の〔1〕に記載のポリヌクレオチドを測定する工程、
- (b) (a)の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程
-

〔13〕 次の工程を含む、胃癌の検出方法。

（a）生体試料中の〔3〕に記載の蛋白質および／または部分ペプチドを測定する工程、

（b）（a）の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程

本発明は、胃癌に関連する単離されたポリヌクレオチドに関する。本発明によって提供されるポリヌクレオチドは、正常組織と比較して、胃癌において特異的に発現レベルが変化している遺伝子、および／または原発性癌組織と比較して、転移癌において発現レベルが変化している遺伝子の塩基配列からなる。あるいは本発明によって提供されるポリヌクレオチドは、腹膜播種を起こしやすい胃癌細胞において特異的に発現レベルが変化している遺伝子の塩基配列からなる。

本発明においてポリヌクレオチドは、DNA、cDNAの他、ゲノムDNA、化学合成DNAあるいはRNAを含む。また本発明のポリヌクレオチドは、天然のヌクレオチドのみならず、人工的に合成されたヌクレオチド誘導体や、標識を導入したヌクレオチドを含むことができる。本明細書においては、ポリヌクレオチドに対して、用語オリゴヌクレオチドを用いる。オリゴヌクレオチドは、そのヌクレオチド鎖が短いことを意味する。用語ポリヌクレオチドには、オリゴヌクレオチドも含まれる。また本発明のポリヌクレオチドは、例えば、ベクター、自律複製性のプラスミドもしくはウイルス、または原核生物もしくは真核生物のゲノムDNAに組み込まれた組換えポリヌクレオチド、またはその他の配列とは独立した分離分子として存在する組換えポリヌクレオチドを含む。更に本発明のポリヌクレオチドは、付加的なポリペプチド配列をコードするハイブリッド遺伝子の一部として存在する組換えDNAも含まれる。

本発明によって提供されるポリヌクレオチドの望ましい塩基配列の配列番号は表1に示したとおりである。表1には、これらの塩基配列がコードする蛋白質のアミノ酸配列の配列番号を併記した。本発明は、これらアミノ酸配列からなる蛋

白質を提供する。

表1に示された遺伝子の発現プロファイルは表2に示されている。表2の選出法に「5a」(#5で#3の5倍以上)、「5b」(#5で#12の5倍以上)、または「5c」(#5で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上)と記載された配列で示される遺伝子は、SCIDマウスの皮下へ移植後に腫瘍を形成したヒト胃癌細胞(#5)における発現が、正常胃粘膜(#3または#12)での発現よりも5倍以上、あるいは正常胃粘膜#3および#12双方に対して3倍以上増加したことを示しており、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。この条件に該当する遺伝子は、以下のものが含まれる:MAMMA1002351、NT2RP2001327、NT2RM1000355、Y79AA1000784、NT2RM4001382、NT2RM1000055、PLACE1008947、MAMMA1002461、NT2RP3004041、NT2RM2001637、PLACE1006469、HEMBA1002417、HEMBB1002600、NT2RM4002390、Y79AA1000258、NT2RM4000027、MAMMA1002143、NT2RP4000973、NT2RP2005360、HEMBA1003615、NT2RM2000522、HEMBA1002475、NT2RP2004242、NT2RM2001637、Y79AA1000784、NT2RM4001382、HEMBA1004889、HEMBA1006676、NT2RM2001696、NT2RM4002593、Y79AA1001781、HEMBA1003805、NT2RP2002606、NT2RP3003876、OVARC1001726、HEMBA1005621、NT2RM4000514、NT2RM1000039、MAMMA1001388、MAMMA1001388、HEMBA1007085、NT2RM2001345、NT2RP2000289、NT2RM4001155、および NT2RP3002818。

また、表2の選出法に「13a」(#13で#3の5倍以上)、「13b」(#13で#12の5倍以上)、「13c」(#13で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上)、「18a」(#18で#3の5倍以上)、「18b」(#18で#12の5倍以上)、または「18c」(#18で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上)と記載された配列で示される遺伝子は、胃癌に由来する臨床検体(#13または#18)における発現が、正常胃粘膜(#3または#12)での発現よりも5倍以上増加、あるいは、正常胃粘膜#3および#12双方に対して3倍以上増加したことを示しており、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。この条件に該当する遺伝子は以下のものが含まれる:HEMBB1001294、NT2RP2001327、NT2RP2000459、Y79AA1000784、NT2RM4001382、HEMBA1002716、NT2RP2002193、

THYR01000401、OVARC1000781、PLACE4000052、NT2RP3002948、PLACE1001845、PLACE1006469、PLACE1000786、MAMMA1000416、PLACE1005409、NT2RP3000605、NT2RM4002390、HEMBA1004055、PLACE1005603、HEMBA1002150、Y79AA1000258、NT2RM1001105、PLACE1006037、OVARC1001270、HEMBB1001482、MAMMA1000416、PLACE1000133、NT2RP2004013、PLACE3000242、NT2RP3003290、HEMBA1006676、NT2RM2001696、HEMBA1007085、NT2RP3000109、PLACE1004506、PLACE1005409、NT2RP2003272、HEMBA1005621、NT2RP3002399、NT2RM2000101、NT2RP2002208、NT2RM4000514、NT2RP3002273、MAMMA1000284、HEMBA1007085、HEMBA1004669、および NT2RP3001730。

また、表2の選出法に「14」と記載された配列で示される遺伝子は、胃癌組織(#13)よりリンパ節転移巣(#14)で5倍以上発現が上昇したことを示しており、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。この条件に該当する遺伝子は以下のものが含まれる：NT2RP2001420、PLACE1000786、および MAMMA1002143。

また、配列番号：34（アミノ酸配列は配列番号：35）で示される配列を持つ遺伝子「MAMMA1001388」は、胃癌細胞株OCUM-2M（2M）より腹膜播種能の高い胃癌細胞株OCUM-2MD3（D3）で5倍以上発現が上昇することが判明し、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。

本発明のポリヌクレオチドとしては、本発明の蛋白質をコードしうるものであれば、その形態に特に制限はなく、cDNAの他、ゲノムDNA、化学合成DNAなども含まれる。また、本発明の蛋白質をコードしうる限り、遺伝暗号の縮重に基づく任意の塩基配列を有するポリヌクレオチドが含まれる。本発明の蛋白質をコードするポリヌクレオチドは、上記のように、表1に示した配列番号に記載のポリヌクレオチド配列もしくはその一部をプローブとしたハイブリダイゼーション法やこれらポリヌクレオチド配列の情報に基づき設計したプライマーを用いたPCR法等の常法により単離することができる。

表1に示す配列番号に記載された塩基配列からなる遺伝子は、リンパ節転移や

腹膜播種を伴う悪性度の高い胃癌細胞において見出された遺伝子を含む。したがって、これらの遺伝子の発現を解析すれば癌細胞の悪性度を知ることができる。癌細胞の悪性度は、治療戦略を考えるうえで重要な情報を与える。

胃癌の腹膜播種は、胃壁内部にある原発巣の組織が増殖・浸潤して胃壁外部に達し、更に漿膜から離脱して腹腔内に遊離する第一の段階と、遊離した細胞が腹膜に着床して増殖する第二の段階とによって成立すると考えられている。本発明の遺伝子は、高腹膜播種細胞株から単離されていることから、この一連の過程を支える重要な遺伝子であると考えられる。したがって、この遺伝子の機能を阻害することによって、腹膜播種の予防や治療が可能となる。また、高腹膜播種細胞株に特異的な本発明の遺伝子や、この遺伝子によってコードされる蛋白質は、胃癌の悪性度を評価する指標として有用である。ここで言う胃癌の悪性度とは、腹膜播種やリンパ節転移を起こす能力を意味する。

更に、本発明の遺伝子は胃癌の他、膵癌などの胃癌以外の消化器癌においても同様に、腹膜播種の予防や治療、あるいは悪性度の予測に用いることができる。腹膜播種やリンパ節転移は様々な消化器癌に共通して見られる悪性化のステップであることから、本発明の遺伝子が他の固形癌においても同様の役割を果たしている可能性が考えられる。

例えば、配列番号：32（アミノ酸配列は配列番号：33）で示される配列を持つ遺伝子「MAMMA1000416」は、胃癌のみならず肝癌においても発現が有意に上昇することが判明した。このことから、本発明の遺伝子が、胃癌以外の固形癌においても発現が上昇している可能性が示唆される。

以上のように、本発明によって提供される塩基配列からなる遺伝子は、胃癌の発生や悪性度に密接に関連していると言える。そのため、この遺伝子の発現や、この遺伝子によってコードされる蛋白質の作用を調節することによって、胃癌の診断や治療を達成できるものと考えられる。すなわち本発明は、本発明の遺伝子発現を調節することができる化合物と、そのスクリーニング方法に関する。

より具体的には、生体内における本発明の遺伝子の発現を阻害すれば、胃癌の進行や転移を効果的に抑制できる。あるいは、本発明の蛋白質の働きを阻害することによっても、胃癌の抑制が達成される。前記遺伝子の発現を阻害するには、アンチセンス核酸医薬や、あるいはその転写調節領域を明らかにした上でデコイ核酸によって発現を阻害することができる。蛋白質の働きそのものを阻害するには、この蛋白質に結合する化合物の投与によって活性部位の立体構造に変化を与えたり、あるいは蛋白質とその標的化合物との結合を妨げることが有効である。

更に、本発明の蛋白質を利用して癌ワクチンを開発することもできる。すなわち本発明の遺伝子によってコードされる蛋白質やその断片に対する免疫応答を誘導することができれば、胃癌に対する免疫学的な排除機構を強めることができる。このような免疫応答は、生体内に本発明による蛋白質やその断片を生体内に投与することによって引き起こされる。生体内への蛋白質の投与は、蛋白質の投与や、それをコードする遺伝子の導入と発現によって達成できる。必要な遺伝子は、アデノウイルスベクターや、レトロウイルスベクターを用い、公知の方法に基づいて導入することができる。

本発明のポリヌクレオチドがコードする蛋白質は、組み換え蛋白質として、また天然の蛋白質として調製することが可能である。組み換え蛋白質は、例えば、後述するように本発明の蛋白質をコードするDNAを挿入したベクターを適当な宿主細胞に導入し、形質転換体内で発現した蛋白質を精製することにより調製することが可能である。また、インビトロトランスレーション（例えば、「On the fidelity of mRNA translation in the nuclease-treated rabbit reticulocyte lysate system. Dasso, M. C., Jackson, R. J. (1989) Nucleic Acids Res. 17:3129-3144」参照）などにより本発明の蛋白質を調製することも可能である。一方、天然の蛋白質は、例えば、後述する本発明の蛋白質に対する抗体を結合したアフィニティーカラムを利用して調製することができる（Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wiley & Sons

Section 16.1-16.19)。アフィニティー精製に用いる抗体は、ポリクローナル抗体であってもモノクローナル抗体であってもよい。

また、本発明には、表1に示した配列番号に記載されたアミノ酸配列からなる蛋白質のみならず、これらの蛋白質と機能的に同等な蛋白質をコードするポリヌクレオチドが含まれる。ここで「機能的に同等」とは、対象となる蛋白質が、胃癌の癌化または悪性化をもたらしていることを指し、このような場合、その蛋白質は本発明の蛋白質と機能的に同等であると言える。

本発明において、ある遺伝子が癌化をもたらすことは、その遺伝子の形質転換による宿主細胞の癌化を観察することにより確認することができる。あるいは悪性化をもたらすことは、転移能を持たない癌細胞株にその遺伝子を形質転換転したときに、細胞が転移能を獲得することを指標として確認することができる。たとえば胃癌細胞株OCUM-2Mのように、転移能の低い、あるいは無い細胞株を、遺伝子の形質転換による悪性化の観察に利用することができる。

これら本実施例において同定された蛋白質と機能的に同等な蛋白質は、当業者であれば、例えば、蛋白質中のアミノ酸配列に変異を導入する方法（例えば、部位特異的変異誘発法(Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 8.1-8.5))を利用して調製することができる。また、このような蛋白質は、自然界におけるアミノ酸の変異により生じることもある。本発明には、このように本実施例において同定された蛋白質と同等の機能を有する限り、そのアミノ酸配列（表1の配列番号に記載）において1もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入および/もしくは付加などにより異なる蛋白質も含まれる。

蛋白質におけるアミノ酸の変異数や変異部位は、その機能が保持される限り制限はない。変異数は、典型的には、全アミノ酸の10%以内であり、好ましくは全アミノ酸の5%以内であり、さらに好ましくは全アミノ酸の1%以内である。置換されるアミノ酸は、蛋白質の機能の保持の観点から、置換前のアミノ酸と似た性

質を有するアミノ酸であることが好ましい。例えば、Ala、Val、Leu、Ile、Pro、Met、Phe、Trpは、共に非極性アミノ酸に分類されるため、互いに似た性質を有すると考えられる。また、非荷電性としては、Gly、Ser、Thr、Cys、Tyr、Asn、Glnが挙げられる。また、酸性アミノ酸としては、AspおよびGluが挙げられる。また、塩基性アミノ酸としては、Lys、Arg、Hisが挙げられる。

また、本実施例において同定された蛋白質と機能的に同等な蛋白質は、当業者に周知のハイブリダイゼーション技術あるいは遺伝子増幅技術を利用して単離することも可能である。即ち、当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術 (Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 6.3-6.4) を用いて本実施例において同定されたポリヌクレオチドの塩基配列 (表1) またはその一部をもとにこれと相同性の高いポリヌクレオチドを単離して、該ポリヌクレオチドから機能的に同等な蛋白質を得ることは、通常行いうることである。本発明には、本実施例において同定された蛋白質と同等の機能を有する限り、これら蛋白質をコードするポリヌクレオチドとハイブリダイズするポリヌクレオチドによりコードされる蛋白質も含まれる。機能的に同等な蛋白質を単離する生物としては、例えば、ヒト、マウス、ラット、ウサギ、ブタ、ウシ等の脊椎動物が挙げられるが、これらに制限されない。このような遺伝子は、その塩基配列において、高度な相同性を維持している。

機能的に同等な蛋白質をコードするポリヌクレオチドを単離するためのハイブリダイゼーションのストリンジェントな条件は、洗浄のための条件として通常「1xSSC、0.1% SDS、37℃」程度であり、より厳しい条件としては「0.5xSSC、0.1% SDS、42℃」程度であり、さらに厳しい条件としては「0.1xSSC、0.1% SDS、65℃」程度であり、ハイブリダイゼーションの条件が厳しくなるほどプローブ配列と高い相同性を有するポリヌクレオチドの単離を期待しうる。但し、上記SSC、SDSおよび温度の条件の組み合わせは例示であり、当業者であれば、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーを決定する上記若しくは他の要素 (例えば、プロー

ブ濃度、プローブの長さ、ハイブリダイゼーション反応時間など)を適宜組み合わせることにより、上記と同様のストリンジェンシーを実現することが可能である。

このようなハイブリダイゼーション技術を利用して単離される蛋白質は、表1に示した配列番号に記載の本発明の蛋白質と比較して、通常、そのアミノ酸配列において高い同一性を有する。高い同一性とは、少なくとも60%以上、好ましくは70%以上、さらに好ましくは80%以上(例えば、90%以上)の配列の同一性を指す。本発明におけるアミノ酸配列や塩基配列の同一性は、Karlin and AltschulによるアルゴリズムBLAST (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-5877, 1993)によって決定することができる。このアルゴリズムに基づいて、BLASTNやBLASTXと呼ばれるプログラムが開発されている(Altschul et al. J. Mol. Biol. 215: 403-410, 1990)。BLASTに基づいてBLASTNによって塩基配列を解析する場合には、パラメーターはたとえばscore = 100, wordlength = 12とする。また、BLASTに基づいてBLASTXによってアミノ酸配列を解析する場合には、パラメーターはたとえば score = 50, wordlength = 3とする。BLASTとGapped BLASTプログラムを用いる場合には、各プログラムのデフォルトパラメーターを用いる。これらの解析方法の具体的な手法は公知である(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)。

また、遺伝子増幅技術(PCR) (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons Section 6.1-6.4)を用いて、本実施例において同定された塩基配列(表1)の一部をもとにプライマーを設計し、これら塩基配列またはその一部と相同性の高い塩基配列を含むポリヌクレオチド断片を単離して、これをもとに本実施例において同定された遺伝子によってコードされる蛋白質と機能的に同等な蛋白質を得ることも可能である。

また、機能的に同等な蛋白質をコードするポリヌクレオチドは、上記のようなハイブリダイゼーションやPCRを行う以外に、計算機上のホモロジー検索で単離することも可能である。本発明のタンパク質をコードするポリヌクレオチドとして

は、表1に示した塩基配列を含む遺伝子に対して種間で保存されている相同遺伝子、あるいはこれらと相同ではないが類似遺伝子であって、表1に示した配列番号に記載の本発明の蛋白質に対して高い相同性を有するものであってもよい。

本発明は、また、本発明の蛋白質の部分ペプチドを提供する。部分ペプチドは、本発明の蛋白質に対する抗体を得るための免疫原として有用である。特に、他の蛋白質との相同性が低い、本発明の蛋白質に固有のアミノ酸配列を含む部分ペプチドは、本発明の蛋白質に対して特異性の高い抗体を与える免疫原として期待される。

本発明の部分ペプチドは、少なくとも7アミノ酸、好ましくは9アミノ酸以上、より好ましくは12アミノ酸以上、より好ましくは15アミノ酸以上のアミノ酸配列からなる。本発明の部分ペプチドは、例えば、遺伝子工学的手法、公知のペプチド合成法、あるいは本発明の蛋白質を適当なペプチダーゼで切断することによって製造する。

また本発明は、前記ポリヌクレオチドのいずれかを含有する発現ベクターを提供するものである。本発明のベクターとしては、挿入したポリヌクレオチドを安定に保持するものであれば特に制限されず、例えば 宿主に大腸菌を用いるのであれば、クローニング用ベクターとしてはpBluescriptベクター(Stratagene社製)などが好ましい。本発明のタンパク質を生産する目的においてベクターを用いる場合には、特に発現ベクターが有用である。発現ベクターとしては、試験管内、大腸菌内、培養細胞内、生物個体内でタンパク質を発現するベクターであれば特に制限されないが、例えば、試験管内発現であればpBESTベクター(プロメガ社製)、大腸菌であればpETベクター(Novagen社製)、培養細胞であればpME18S-FL3ベクター(GenBank Accession No. AB009864)、生物個体であればpME18Sベクター(Mol Cell Biol. 8:466~472(1988))などが好ましい。ベクターへの本発明のポリヌクレオチドの挿入は常法により制限酵素サイトを用いたリガーゼ反応により行うことができる(Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al.

(1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.4~11.11)。

さらに、本発明は、前記ポリヌクレオチド、あるいは前記いずれかの発現ベクターを保持する形質転換体、並びにその形質転換体を培養し、その培養物から本発明の蛋白質を単離することからなる、本発明の蛋白質の製造方法に関するものである。本発明のベクターが導入される宿主細胞としては特に制限はなく、目的に応じて種々の宿主細胞が用いられる。タンパク質を高発現させるための真核細胞としては、例えば、COS細胞、CHO細胞などを例示することができる。

宿主細胞へのベクター導入は、例えば、リン酸カルシウム沈殿法、電気パルス穿孔法 (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 9.1-9.9)、リポフェクタミン法 (GIBCO-BRL 社製)、マイクロインジェクション法などの方法で行うことが可能である。本発明は、上記の方法で製造された蛋白質、あるいはその部分ペプチドを提供するものである。

本発明の実施に必要な、DNAのクローニング、各プラスミドの構築、宿主のトランスフェクション、形質転換体の培養および培養物からの蛋白質の回収等の操作は、当業者既知の方法、あるいは文献記載の方法 [Molecular Cloning, T. Maniatis et.al, CSH Laboratory (1983) DNA Cloning, DM. Glover, IRL PRESS (1985) 他] に準じて行なうことができる。

また、本発明の宿主細胞には、本発明の遺伝子の機能解析や、この遺伝子を利用したその機能阻害剤のスクリーニングのために用いる目的の細胞も含まれる。宿主細胞へのベクター導入は、例えば、リン酸カルシウム沈殿法、電気パルス穿孔法 (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 9.1-9.9)、リポフェクタミン法 (GIBCO-BRL 社製)、マイクロインジェクション法などの方法で行うことが可能である。形質転換体からの本発明の蛋白質の調製は、当業者に公知の蛋白質の分離・精製法を利用して行なうことができる。

本発明はまた、表1に示した配列番号に記載の塩基配列からなるポリヌクレオチドまたはその相補鎖に相補的な少なくとも15ヌクレオチドを含むポリヌクレオチドを提供する。ここで「相補鎖」とは、A:T、G:Cの塩基対からなる2本鎖ポリヌクレオチドの一方の鎖に対する他方の鎖を指す。また、「相補的」とは、少なくとも15個の連続したヌクレオチド領域で完全に相補配列である場合に限られず、少なくとも70%、好ましくは少なくとも80%、より好ましくは90%、さらに好ましくは95%以上の塩基配列上の相同性を有すればよい。相同性を決定するためのアルゴリズムは本明細書に記載したものを使用すればよい。

このようなポリヌクレオチドは、本発明の蛋白質をコードするDNAやRNAを検出、単離するためのプローブとして、また、本発明のポリヌクレオチドを増幅するためのプライマーとして利用することが可能である。プライマーとして用いる場合には、通常、15bp~100bp、好ましくは15bp~35bpの鎖長を有するオリゴヌクレオチドが用いられる。また、プローブとして用いる場合には、本発明のポリヌクレオチドの少なくとも一部若しくは全部の配列を有し、少なくとも15bpの鎖長のポリヌクレオチドが用いられる。プライマーとして用いる場合、3'側の領域は相補的である必要があるが、5'側には制限酵素認識配列やタグなどを付加することができる。

本発明のポリヌクレオチドは、本発明の遺伝子の発現を検出、あるいは定量するために利用することができる。例えば、本発明のポリヌクレオチドをプローブやプライマーとして用いたノーザンハイブリダイゼーションやRT-PCRにより、発現レベルを検査したり、本発明のポリヌクレオチドをプライマーとして用いたポリメラーゼ連鎖反応(PCR)によりゲノムDNA-PCRやRT-PCRにより本発明のDNAやその発現制御領域を増幅し、RFLP解析、SSCP、シーケンシング等の方法により、配列の異常を検査・診断することもできる。

また、「表1に示した配列番号に記載の塩基配列からなるポリヌクレオチドまたはその相補鎖に相補的な少なくとも15ヌクレオチドを含むDNA」には、本発明の

遺伝子の発現を抑制するためのアンチセンスDNAが含まれる。アンチセンスDNAは、アンチセンス効果を引き起こすために、少なくとも15bp以上、好ましくは100bp、さらに好ましくは500bp以上の鎖長を有し、通常、3000bp以内、好ましくは2000bp以内の鎖長を有する。

このようなアンチセンスDNAには、胃癌の進行や転移の遺伝子治療に応用することができる。該アンチセンスDNAは、表1に示した配列番号に記載のDNAの配列情報を基にホスホロチオエート法 (Stein, 1988 Physicochemical properties of phosphorothioate oligodeoxynucleotides. Nucleic Acids Res 16, 3209-21 (1988)) などにより調製することが可能である。

本発明のポリヌクレオチドまたはアンチセンスDNAは、遺伝子治療に用いる場合には、例えば、レトロウイルスベクター、アデノウイルスベクター、アデノ随伴ウイルスベクターなどのウイルスベクターやリポソームなどの非ウイルスベクターなどを利用して、ex vivo法やin vivo法などにより患者へ投与を行う。

本発明は、また、本発明の蛋白質に結合する抗体を提供する。本発明の抗体の形態には特に制限はなく、ポリクローナル抗体やモノクローナル抗体または抗原結合性を有するそれらの一部も含まれる。また、全てのクラスの抗体が含まれる。さらに、本発明の抗体には、ヒト化抗体などの特殊抗体も含まれる。

本発明の抗体は、ポリクローナル抗体の場合には、常法に従いアミノ酸配列に相当するオリゴペプチドを合成して家兎に免疫することにより得ることが可能であり、(Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.12~11.13)、一方、モノクローナル抗体の場合には、常法に従い大腸菌で発現し精製した蛋白質を用いてマウスを免疫し、脾臓細胞と骨髓腫細胞を細胞融合させたハイブリドーマ細胞の中から得ることができる (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.4~11.11)。

本発明の蛋白質に結合する抗体は、本発明の蛋白質の精製に加え、例えば、こ

れら蛋白質の発現異常や構造異常の検査・診断に利用することも考えられる。具体的には、例えば組織、血液、または細胞などから蛋白質を抽出し、ウェスタンブロッティング、免疫沈降、ELISA等の方法による本発明の蛋白質の検出を通して、癌の同定、あるいはその悪性度を検査・診断することができる。

たとえば、組織における本発明のポリヌクレオチドや、蛋白質、あるいはそれらの断片の存在は、その組織が胃癌に由来するものであることを示している。あるいは、血液における本発明のポリヌクレオチドや、蛋白質、あるいはそれらの断片の存在は、胃癌の指標とすることができる。本発明のポリヌクレオチドは、いずれも胃癌細胞で発現の増加が確認された遺伝子の塩基配列からなっている。したがって、本発明のポリヌクレオチドや蛋白質、あるいはそれらの断片を測定し、健常者の測定値と比較して増加している場合に、胃癌の存在が疑われる。胃癌の検出を可能とする本発明のポリヌクレオチドとしては、たとえばmRNAを挙げることができる。血液や細胞中のmRNAをRT-PCRなどの手法によって検出することにより、胃癌の指標とすることができる。あるいは本発明の蛋白質やその断片を、公知の免疫学的な手法によって検出することによって、胃癌の指標とすることができる。

本発明の蛋白質に結合する抗体は、胃癌の治療などの目的に利用することも考えられる。本発明の遺伝子によってコードされる蛋白質は、胃癌や、悪性度の高い胃癌において高度に発現している。したがって、この蛋白質を認識する抗体は、胃癌の免疫学的な治療に有用である。あるいは、この蛋白質を標的とする抗体に抗癌剤を結合させることにより、胃癌のミサイル療法を実現できる。抗体を患者の治療目的で用いる場合には、ヒト抗体またはヒト化抗体が免疫原性の少ない点で好ましい。ヒト抗体は、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウス（例えば、

「Functional transplant of megabase human immunoglobulin loci recapitulates human antibody response in mice, Mendez, M.J. et al. (1997) Nat. Genet.

15:146-156」参照）に免疫することにより調製することができる。また、ヒト化

抗体は、モノクローナル抗体の超可変領域を用いた遺伝子組み換えによって調製することができる(Methods in Enzymology 203, 99-121(1991))。

あるいは本発明は、本発明の蛋白質の活性を調節する化合物のスクリーニング方法を提供する。本発明の遺伝子が胃癌の癌化や悪性度に関連することから、当該遺伝子の産物の活性を抑制する化合物は胃癌やその転移を抑制する治療薬として有用である。このスクリーニング方法は、次の工程を含む。

- (a) 胃癌細胞に候補化合物を接触させる工程、
- (b) 表1に示す配列番号に記載の塩基配列からなる遺伝子の胃癌細胞における発現レベルを、対照と比較する工程、
- (c) 遺伝子の発現レベルを低下させる候補化合物を選択する工程、

本発明のスクリーニングに用いる胃癌細胞は、患者から採取された胃癌組織や、胃癌細胞株を用いることができる。あるいは、本発明の遺伝子を人為的に導入した細胞をスクリーニングの材料に用いることもできる。本発明のスクリーニング方法においては表1に示す配列番号に記載の塩基配列からなる遺伝子の発現レベルを指標とする。本発明の遺伝子は、胃癌の癌化や、転移に関連していることから、スクリーニングの目的に応じて、細胞の種類や指標とすべき遺伝子を選択することができる。たとえば、癌化の調節を目的とする場合には、胃癌において高度な発現が観察された遺伝子を指標とすることができる。あるいは、転移を制御することができる化合物のスクリーニングには、悪性度と関連する遺伝子を指標とする。遺伝子の発現レベルは、ノーザンブロット法やRT-PCR法などの公知の方法に基づいて検出し、あるいは定量することができる。

スクリーニングに用いる被検試料としては、例えば、細胞抽出液、遺伝子ライブラリーの発現産物、合成低分子化合物、合成ペプチド、天然化合物などが挙げられるが、これらに制限されない。また、本発明のタンパク質との結合活性を指標とした上記のスクリーニングにより単離された化合物を被検試料として用いることも可能である。

このスクリーニングにより単離される化合物は、本発明の遺伝子の発現阻害剤の候補となる。これら化合物は、本発明の遺伝子が関連する胃癌やその転移の予防薬や治療薬への応用が考えられる。

本発明のスクリーニング方法により単離された化合物を医薬品として用いる場合には、単離された化合物自体を直接患者に投与する以外に、公知の製剤学的方法により製剤化して投与を行うことも可能である。例えば、薬理学上許容される担体もしくは媒体、具体的には、滅菌水や生理食塩水、植物油、乳化剤、懸濁剤などと適宜組み合わせ、製剤化して投与することが考えられる。患者への投与は、例えば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。

次に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明するが、本発明は下記実施例に限定されるものではない。

発明を実施するための最良の形態

実施例 1. ディファレンシャル解析による発現レベルの比較

以下の細胞について発現レベルを解析し、正常部と癌部、癌部と転移病変の間で相互に比較して、発現レベルが5倍（または3倍）以上変化している遺伝子とハイブリダイズするプローブを選択した。括弧内の数字は試料番号を示す。

胃癌

胃癌組織：2例（#13および#18）

胃癌組織#13と同じ患者に由来するリンパ節転移組織：1例（#14）

胃癌組織#13と同じ患者に由来する正常胃粘膜：1例（#12）

胃癌細胞株OCUM-2M : 1 例

腹膜播種能の高い胃癌細胞株OCUM-2MD3 : 1 例

ヌードマウス移植胃癌 : 2 例 (#5および#6)

正常胃粘膜の手術サンプル : 1 例 (#3)

細胞株としては、大阪市立大学第1外科学教室において樹立された胃癌細胞株OCUM-2Mと高頻度に腹膜播種を引き起こす亜株であるOCUM-2MD3 (Br. J Cancer 72:1200-1210, 1995)を用いた。以下のRNAの抽出と標識、そしてアレイとのハイブリダイズは、原則としてAffymetrix社の指示書に従って行った。

臨床検体、または10%牛胎児血清を含むD-MEM培地で培養した細胞株から、オリゴ(dT)セルローススピンカラム法(QuickPrep mRNA Purification kit, Pharmacia)によりPoly(A)⁺RNAを調製した。Poly(A)⁺RNA 1 μ gを用いてT7付加オリゴ(dT)24をプライマーとして逆転写酵素(Superscript RT II, BRL)により1本鎖cDNAを合成し、さらにE. coli DNAリガーゼとE. coli DNAポリメラーゼを用いて2本鎖cDNAを合成した。合成したcDNAを定法に従いフェノール・クロロホルム抽出した。この2本鎖cDNAを鋳型としてT7 RNAポリメラーゼによってcRNAを合成した。合成には、MEGAscript T7 kit (Ambion製)を用いた。このとき、標識ヌクレオチドとしてBiotin-11-CTPおよびBiotin-16-UTPを加え、cRNAを標識した。

合成したcRNAをRNeasy Mini Kit (QUIAGEN製)によって回収し、SPIN-100 Columns (CLONETECH製)で精製した。精製cRNAは、加熱によって断片化後、cDNAオリゴヌクレオチドアレイ(Affymetrix社)とのハイブリダイゼーションに用いた。cRNAの断片化は、cRNA 20 μ gを含むRNaseフリーの精製水32 μ Lに対して、以下の断片化緩衝液を8 μ L加え(cRNA最終濃度0.5 μ g/ μ L)、94℃で35分間処理することによって行った。この加熱処理により、cRNAはおよそ35-200bpの大きさに断片化される。

5×断片化緩衝液

4. 0mL 1M トリス-酢酸緩衝液(pH 8.1)

0.64g 酢酸マグネシウム

0.98g 酢酸カルシウム

DEPC処理したH₂Oで20mLにする。

断片化したcRNAサンプルは、以下の組成からなるハイブリダイゼーションカクテルとし、一端99℃で5分間処理し、次いで45℃のヒートブロック上に5分間置いた。その200μLをアレイに加えて45℃で16時間ハイブリダイズさせた。ハイブリダイズに用いた5枚のアレイ、すなわちHuGeneFL（旧称Hu6800）には約6500種類の、そしてHu35K A、B、C、およびD上には、合わせておよそ35000種類の遺伝子あるいはESTに由来する塩基配列を持ったオリゴヌクレオチドが合成されている。なおハイブリダイゼーション以降の洗浄から蛍光染色にいたる工程には、GeneChip Fluidics Station 400（Affymetrix社製）を用いた。

ハイブリダイゼーションカクテル：

断片化cRNA 15μg

コントロールオリゴヌクレオチドB2(5nM) 3μL

100×コントロールcRNAカクテル 各3μL

サケ精子DNA(10mg/mL) 3μL

アセチル化BSA(50mg/mL) 3μL

2×MESハイブリダイゼーション緩衝液 150μL

total 300μLに調整

ハイブリダイゼーション終了後、アレイからハイブリダイゼーションカクテルを除いて、250μLの洗浄液を加えた。非特異的なシグナルを洗浄除去した後、フィコエリスリンーストレプトアビジン(streptavidin phycoerythrin; SAPE)を結合させた。さらにアビジンに対する抗体、そして再びフィコエリスリンーストレプトアビジンを用いて蛍光を増強した。洗浄液と蛍光染色に用いた反応液の組成は次のとおりである。

洗浄液：

83. 3mL 12×MESストック緩衝液

5. 2mL 5M NaCl

1. 0mL 10% Tween20

910. 5mL H₂O

蛍光染色用反応液:

300 μL 2×染色緩衝液

270 μL H₂O

24 μL 50mg/mLアセチル化BSA

6 μL 1mg/mL フィコエリスリンーストレプトアビジン

蛍光増強用抗ストレプトアビジン抗体 (600 μL中):

300 μL 2×染色緩衝液

24 μL 50mg/mLアセチル化BSA

6. 0 μL 10mg/mL正常ヤギIgG

3. 6 μL 0. 5mg/mLビオチン化抗体

266. 4 μL H₂O

蛍光増強用フィコエリスリンーストレプトアビジン (1200 μL中):

600 μL 2×染色緩衝液

48 μL 50mg/mLアセチル化BSA

12 μL 1mg/mL フィコエリスリンーストレプトアビジン

540 μL H₂O

蛍光染色した各アレイの蛍光強度を、共焦点レーザー装置 (HP Genearrayスキ
ャナー) により測定した。5つのアレイ上の遺伝子あるいはESTについて、2つの
細胞由来のRNAの間で蛍光強度 (average difference) すなわち遺伝子発現強度を
比較し、その比 (fold change) を算出した。そして、少なくとも1つの対照試料
に比べ5倍、または2つの対照試料双方に対して3倍以上の増加あるいは減少が
確認されたものを選択した (表2)。

[illegible]

AA147884	-6	~5.9	(13)145	~11.2	11	zl50b04.s1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 505327 3.
AA147884	-6	~5.0	(18)116	~7.0	11	zl50b04.s1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 505327 3.
AA235118 5b 5a 5c	459	7.9	(5)2545	6	323	C-MAMMA1002461 zs36f07.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 687301 3 similar to contains element MSR1 repetitive element :.
AA235118						
AA242823 13b 13a						C-NT2RP2002193
AA242823	-313	~14.1	(13)7	~8.8	-34	zr65e10.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 668298 3.
AA255525 13b 13c	66	3.9	(13)214	~7.9	-87	C-THYRO1000401 zr85a12.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 682462 3.
AA255525						
AA258267 5c	10	~3.0	(5)66	~3.5	1	C-NT2RP3004041 zr60h08.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 667839 3.
AA258267						
AA281528 13b 13a						C-OVARC1000781
AA281528	-91	~12.5	(13)225	~9.5	-18	zt08g09.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712576 3.
AA292158 13a 18a						C-PLACE4000052
AA292158	2	~10.0	(13)319	3.3	97	zt46c03.r1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone. 725380 5.
AA292158	2	~7.8	(18)112			zt46c03.r1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 725380 5'.
AA323430 18b			(18)114	~6.2	-6	C-NT2RP3002948 EST26202 Cerebellum II Homo sapiens cDNA 5' end similar to similar to ring canal protein.
AA323430						
AA378597 13a	-246	~27.4	(13)559			C-PLACE1001845, EST91316 Synovial sarcoma Homo sapiens cDNA 5' end.
AA378597						
AA379742 5a	-53	~8.0	(5)147			C-NT2RM2001637 EST92623 Skin tumor I Homo sapiens cDNA 5 end.
AA379742						
AA398596 13b 5b 1						C-PLACE1006469
AA398596	48	~13.3	(5)380	5.1	75	zt70a05.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 727664 3.
AA398596	48	~7.9	(13)153	~10.0	75	zt70a05.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 727664 3.
AA399226 5b			(5)170	~7.4	-1	C-HEMBA1002417 zt50c01.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 725760 3.
AA399226						
AA402715 14 18a	539	7.3	(18)3949			C-PLACE1000786 zu47c06.s1 Soares ovary tumor NbHOT-Homo
AA402715						

							sapiens cDNA clone 741130 3'.
AA402823	[13b]18b			(13)146	~7.2	-125	C-MAMMA1000416 zu55g07.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 741948 3.
AA402823				(18)287	~8.7	-125	zu55g07.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 741948 3'.
AA410311	[18a	-138	~25.7	(18)615			C-PLACE1005409 zv23c07.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 754476 3'.
AA410311							
AA410343	[5a	-1797	~29.7	(5)63			C-HEMBA1002600 zv16e11.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 753836 3.
AA410343							
AA422049	[18a	25	7.3	(18)200			C-NT2RP3000605 zv28g05.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755000 3' similar to gb:J02621 NONHISTONE CHROMOSOMAL PROTEIN HMG-14 (HUMAN);
AA422049							
AA426218	[13b]5b			(5)257	~8.5	12	C-NT2RM4002390 zw17c11.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 769556 3.
AA426218				(13)157	~5.4	12	zw17c11.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 769556 3.
AA427861	[13b]18b 13a 18a 3c 18c						C-HEMBA1004055
AA427861		68	10	(13)253	6.5	44	zw50b01.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773449 3.
AA427861		68	5.2	(18)295	6.6	44	zw50b01.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773449 3.
AA429917	[13b			(13)444	~21.5	-25	C-PLACE1005603 zw66f03.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 781181 3.
AA429917							
AA430355	[18a]18c	151	7.6	(18)1227	3.4	366	C-HEMBA1002150 zw20e04.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 769854 3.
AA430355							
AA430674	[13a]5a	-45	~19.5	(5)518			C-Y79AA1000258 zw26d12.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 770423 3.
AA430674		-45	~12.2	(13)297			zw26d12.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 770423 3.
AA433899	[13b			(13)141	~12.9	-47	C-NT2RM1001105 zw52b06.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773651 3.
AA433899							
AA445994	[5a	4	~6.5	(5)153			C-NT2RM4000027 zw64e04.s1 Soares testis
AA445994							

AA449773	14 5a	86	9.2	(5)786			NHT Homo sapiens cDNA clone 780990 3'.
AA449773							C-MAMMA1002143 zx07h07.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 785821 3'.
AA449773					77	13.1	978 zx07h07.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 785821 3'.
AA453435	18a	94	6.4	(18)1292			C-PLACE1006037 zx32h03.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 788213 3'.
AA453435							C-NT2RP4000973 zx48c02.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 795458 3' similar to gb:M11722 DNA NUCLEOTIDYLEXOTRANSFERASE (HUMAN);.
AA453624	5b 5c	89	3.4	(5)288	6.1	41	
AA453624							
AA460708	13b 13c	84	3	(13)231	7	33	C-OVARC1001270 zx69e03.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 796732 3'.
AA460708							
AA461093	18b 13a 18a 13c 18c	-68	~5.6	(13)47	~3.6	-5	C-HEMBA1001482 zx63f06.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 796163 3'.
AA461093							zx63f06.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 796163 3'.
AA461093		-68	~8.6	(18)141	~6.5	-5	
AA461093							
AA465367	5a	-8	~6.4	(5)182			C-NT2RP2005360 aa23d09.s1 NCI CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:814097 3'.
AA465367							
AA478794	13b 13c	-9	~4.5	(13)91	~7.2	1	C-MAMMA1000416 zv20e01.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 754200 3'.
AA478794							
AA489000	13a	27	~5.3	(13)110			C-PLACE1000133 C-NT2RP2004013 aa54d02.s1 NCI CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:824739 3'.
AA489000							
AA489080	5a 5c	86	5.3	(5)455	4.5	100	C-HEMBA1003615 aa54h08.s1 NCI CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:824799 3'.
AA489080							
AA598982	18b			(18)246	~10.0	-50	C-PLACE3000242 ae34e01.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone 897720 3' similar to contains element PTR5 repetitive element ;.
AA598982							
AA599674	5b 5a 5c	-18	~8.7	(5)750	12.7	59	C-NT2RM2000522 C-HEMBA1002475 C-NT2RP2004242 ag10e11.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone 1069964 3'.
AA599674							
AA620295	5a 5c	-16	~10.2	(5)340	~3.6	88	C-NT2RM2001637 af04h10.s1 Soares testis
AA620295							

C02472	5a						NHT Homo sapiens cDNA clone 1030723 3.
C02472		35	11	(5)454			C-Y79AA1000784 C-NT2RM4001382 HUMGS0012359, Human Gene Signature, 3 - directed cDNA sequence.
H49440	13a						C-NT2RP3003290
H49440		56	11.3	(13)195			yo23d12.r1 Homo sapiens cDNA clone 178775 5 similar to contains Alu repetitive element; contains PTR7 repetitive element.
H61476	5b 5c						C-HEMBA1004889
H61476		62	4.5	(5)439	11.1	55	yr17e08.s1 Homo sapiens cDNA clone 205574 3.
N22273	13a 5a						C-HEMBA1006676 (HELIX) 2869 bp C-NT2RM2001696 (HELIX) 2661 bp
N22273		0	5.5	(5)238			
N22273		0	5.7	(13)184			
N30796	5c						C-NT2RM4002593
N30796		66	4.6	(5)573	3.3	142	yw65d03.s1 Homo sapiens cDNA clone 257093 3.
N31610	5c						C-Y79AA1001781
N31610		-211	3.5	(5)73	3.4	-10	yy20g10.s1 Homo sapiens cDNA clone 271842 3.
N39361	5b 5c						C-HEMBA1003805
N39361		156	3.1	(5)109	5.9	-72	yx80d09.r1 Homo sapiens cDNA clone 268049 5.
N40170	5b						C-NT2RP2002606
N40170				(5)130	5.2	-5	C-NT2RP3003876 yy44b06.s1 Homo sapiens cDNA clone 276371 3.
N73762	13b						C-HEMBA1007085
N73762				(13)842	6	150	za61f08.s1 Homo sapiens cDNA clone 297063 3.
N78718	13a						C-NT2RP3000109
N78718		51	5.2	(13)280			zb02f10.s1 Homo sapiens cDNA clone 300907 3.
R05274	18b						C-PLACE1004506
R05274				(18)734	5.7	118	ye91b06.s1 Homo sapiens cDNA clone 125075 3.
R06271	18a 18c						C-PLACE1005409
R06271		79	7.9	(18)881	4.1	180	yf08e02.s1 Homo sapiens cDNA clone 126266 3.
R31785	5b 5a 5c						C-OVARC1001726
R31785		-913	15.1	(5)911	33.3	-555	yh68g11.s1 Homo sapiens cDNA clone 134948 3.
R44761	13a						C-NT2RP2003272
R44761		19	6.3	(13)471			yg30h03.s1 Homo sapiens cDNA clone 34148 3 similar to contains MER28 repetitive element.
R54743	13b 5b						C-HEMBA1005621
R54743				(5)492	13.5	36	yj75a07.r1 Homo sapiens cDNA clone 154548 5.
R54743				(13)209	5.8	36	yj75a07.r1 Homo sapiens cDNA clone 154548 5.
R56678	13b						C-NT2RP3002399
R56678				(13)85	5.5	15	yi04d08.r1 Homo sapiens cDNA clone 138255 5 similar to contains Alu repetitive element.
T10166	13c						C-NT2RM2000101
T10166		61	4.1	(13)249	4.2	94	C-NT2RP2002208 seq879 Homo sapiens cDNA clone b4HB3MA-COT8-HAP-Ft166 3.
T33018	18a 5a						C-NT2RM4000514
T33018		-263	10.6	(5)407			EST56331 Homo sapiens

T33018		-263	~6.1	(18)221				cDNA 3' end similar to None. EST56331 Homo sapiens cDNA 3' end similar to None.
T47788	5a	-192	~6.6	(5)260				C-NT2RM1000039 yb17a11.s1 Homo sapiens cDNA clone 71420 3.
T64575	5a	254	6.3	(5)1387				C-MAMMA1001388 yc25a03.s1 Homo sapiens cDNA clone 81676 3.
T71373	5b 5a 5c	-545	~20.3	(5)251	~43.6	-775		C-MAMMA1001388 yc61h07.s1 Homo sapiens cDNA clone 85213 3.
T90699	18b 18c	-93	~3.7	(18)234	~6.1	24		C-NT2RP3002273 C-MAMMA1000284 ye16d10.s1 Homo sapiens cDNA clone 117907 3 similar to contains PTR5 repetitive element ..
T95057	13b 5b			(5)408	~5.4	25		C-HEMBA1007085 ye39d04.s1 Homo sapiens cDNA clone 120103 3.
T95057				(13)847	16.8	25		ye39d04.s1 Homo sapiens cDNA clone 120103 3.
T97111	5b			(5)229	8.2	-38		C-NT2RM2001345 ye41d04.r1 Homo sapiens cDNA clone 120295 5.
T99474	5c	-9	~3.0	(5)223	3.2	70		C-NT2RP2000289 ye64d12.s1 Homo sapiens cDNA clone 122519 3.
W27237	14						31 12.1 444	C-MAMMA1002143 24c11 Human retina cDNA randomly primed sublibrary Homo sapiens cDNA.
W68734	5b 5a 5c	-234	~6.6	(5)319	~11.3	-7		C-NT2RM4001155 zd37f08.s1 Soares fetal heart NbHH19W Homo sapiens cDNA clone 342855 3.
W72547	13a	36	6.2	(13)220				C-HEMBA1004669 zd64g12.s1 Soares fetal heart NbHH19W Homo sapiens cDNA clone 345478 3.
W86853	5b 5c	20	~3.8	(5)98	~5.6	-34		C-NT2RP3002818 zh59d05.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 416361 3.
Z38501	13b 18b			(13)144	~5.8	29		C-NT2RP3001730 H. sapiens partial cDNA sequence; clone c-0de11.
Z38501				(18)141	~5.7	29		H. sapiens partial cDNA sequence; clone c-0de11.

表中、選出法に「5」と記されているものはSCIDマウスに移植した胃癌組織(#5)を用いた発現解析で同定された遺伝子を示しており、「13」および「18」と記されているものは胃癌臨床検体(#13 および #18)を用いた発現解析で同定された遺伝子を示している。これら3つの癌部に対し、正常部臨床検体 #3 および #12 (#12は#13と同一標本)の2つから発現の上昇を示した。「a」は正常部臨床検体

#3 に対して発現の上昇 (fold change) が5倍以上であることを示し、「b」は正常部臨床検体 #12 に対して発現の上昇 (fold change) が5倍以上であることを示す。「c」は、正常部臨床検体 #3 に対して発現の上昇 (fold change) が3倍以上、かつ正常部臨床検体 #12 に対しても発現の上昇が3倍以上であることを示す。

「14」は、胃癌臨床検体#13のリンパ節転移を用いた発現解析で同定された遺伝子を示しており、#13に対して「fold change」が5倍以上上昇する遺伝子を表す。各試料における発現量 (average difference) (表中の「5or13or18」の欄では、括弧内に検体番号を示す) および fold change (表中、比較した2つの検体を「fold →」または「←fold」で示す) も、表中に示した。

この実験とは別に、肝臓においても同様の実験を試みた。すなわち、B型肝炎ウイルス感染患者 (検体番号#5) 由来の肝臓組織と、同じ患者に由来する非癌 (肝硬変) 組織を用いて、上記と同様のディファレンシャル解析による発現レベルの比較を行ったところ、上記 MAMMA1000416 の発現 (average difference) は、非癌 (肝硬変) 組織においては「55」、肝臓組織においては「569」であった。すなわち、非癌 (肝硬変) 組織との比 (fold change) は ~4.8 となり、MAMMA1000416 の発現は肝臓においても上昇することが判明した。

2. 全長cDNAデータベース

ヒト胎児精巣由来のテラトカルシノーマ細胞でレチノイン酸処理により神経細胞に分化可能なNT-2神経前駆細胞 (Stratagene社より購入) を、添付のマニュアルにしたがって次のように処理したものを用いた。

- (1) NT-2細胞をレチノイン酸で誘導しないで培養 (NT2RM1, NT2RM2, NT2RM4) 、
- (2) NT-2細胞を培養後、レチノイン酸を添加して誘導後、2週間培養 (NT2RP2, NT2RP3, NT2RP4) 。

また、ヒトretinoblastoma培養細胞Y79 (ATCC HTB-18) (Y79AA1) をATCCカタログ (<http://www.atcc.org/>) 記載の培養条件で培養した。培養細胞を集めて、文

献(J. Sambrook, E. F. Fritsch & T. Maniatis, Molecular Cloning Second edition, Cold Spring harbor Laboratory Press 1989) 記載の方法によりmRNAを抽出した。さらに、オリゴdTセルロースでpoly(A)⁺ RNAを精製した。

同様に、ヒト胎盤組織 (PLACE1, PLACE3, PLACE4)、ヒト卵巣癌組織 (OVARC1)、ヒト10週令胎児より頭部を多く含む組織 (HEMBA1)、ヒト10週令胎児より胴体部分を多く含む組織 (HEMBB1)、ヒト乳腺組織 (MAMMA1)、ヒト甲状腺組織 (THYR01) より、文献(J. Sambrook, E. F. Fritsch & T. Maniatis, Molecular Cloning Second edition, Cold Spring harbor Laboratory Press, 1989) 記載の方法によりmRNAを抽出した。さらに、オリゴdTセルロースでpoly(A)⁺ RNAを精製した。

それぞれのpoly(A)⁺ RNAよりオリゴキャプ法 [M. Maruyama and S. Sugano, Gene, 138: 171-174 (1994)]によりcDNAライブラリーを作成した。Oligo-cap linker (agcaucgagu cgccuuguu ggccuacugg/配列番号: 1 5 0) およびOligo dT primer (gcggctgaag acggcctatg tggccttttt tttttttttt tt/配列番号: 1 5 1) を用いて文献 [鈴木・菅野, 蛋白質 核酸 酵素, 41: 197-201 (1996)、Y. Suzuki et al., Gene, 200: 149-156 (1997)]に書いてあるようにBAP (Bacterial Alkaline Phosphatase) 処理、TAP (Tobacco Acid Phosphatase) 処理、RNAライゲーション、第一鎖cDNAの合成とRNAの除去を行った。次いで、5' (agcatcgagt cggccttggt g/配列番号: 1 5 2) と3' (gcggctgaag acggcctatg t/配列番号: 1 5 3) のPCRプライマーを用いPCR (polymerase chain reaction)により2本鎖cDNAに変換し、SfiI切断した。次いで、DraIIIで切断したベクターpUC19FL3 (NT2RM1) またはpME18SFL3 (GenBank AB009864, Expression vector) (NT2RM2, NT2RM4, NT2RP2, NT2RP3, NT2RP4, Y79AA1, PLACE1, PLACE3, PLACE4, OVARC1, HEMBA1, HEMBB1, MAMMA1, THYR01) にcDNAの方向性を決めてクローニングし、cDNAライブラリーを作成した。これらより得たクローンのプラスミドDNAについて、cDNAの5' 端または3' 端の塩基配列をDNAシーケンシング試薬 (Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit, dRhodamine Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction

KitまたはBigDye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit, PE Biosystems社製)を用い、マニュアルに従ってシーケンシング反応後、DNAシーケンサー (ABI PRISM 377, PE Biosystems社製) でDNA塩基配列を解析した。得られたデータをデータベース化した。

NT2RMI以外のオリゴキャップ高全長率cDNAライブラリーは、真核細胞での発現が可能な発現ベクターpME18SFL3を用いて作製した。pME18SFL3にはクローニング部位の上流にSR α プロモーターとSV40 small 1イントロンが組み込まれており、またその下流にはSV40ポリA付加シグナル配列が挿入されている。pME18SFL3のクローン化部位は非対称性のDraIIIサイトとなっており、cDNA断片の末端にはこれと相補的なSfiI部位を付加しているので、クローン化したcDNA断片はSR α プロモーターの下流に一方方向性に挿入される。したがって、全長cDNAを含むクローンは、得られたプラスミドをそのままCOS細胞に導入することにより、一過的に遺伝子を発現させることが可能である。すなわち、非常に容易に、遺伝子産物である蛋白質として、あるいはそれらの生物学的活性として実験的に解析することが可能となっている。

決定された5'側の塩基配列に基づいて、各クローンの全長性を評価した。全長性は、ATGprやESTiMateFLによる解析結果等を利用して評価した。ATGprは、ATGコドンの周辺の配列の特徴から翻訳開始コドンであるかどうかを予測するためにヘリックス研究所のA. A. Salamov, T. Nishikawa, M. B. Swindellsにより開発されたプログラムである。またESTiMateFLは、公共データベース中のESTの5'-末端配列や3'-末端配列との比較による全長cDNAの可能性の高いクローンを選択するヘリックス研究所の西川・太田らにより開発された方法である。

全長性の評価によって全長である可能性が高いクローンを選択した。更にその中から、5'側と3'側の塩基配列について公共データベースを検索し、新規であると判断されるクローンを選抜した。

選抜したクローンについて各々全長cDNAの塩基配列を決定した。塩基配列は主

に、カスタム合成DNAプライマーを用いたダイデオキシターミネーター法によるプライマーウォーキング（カスタム合成DNAプライマーを用い、PE Biosystem社製のDNAシーケンシング試薬でマニュアルに従ってシーケンシング反応後、同社製のシーケンサーでDNA塩基配列を解析）によって決定した。一部のクローンについては同様の方法でLicor社製DNAシーケンサーを用いて塩基配列を決定した。全長塩基配列は上記方法により決定された部分塩基配列を完全にオーバーラップさせ最終的に確定した。次に、決定された全長塩基配列から、推定アミノ酸配列を求めた。こうして明らかにされた全長塩基配列と推定アミノ酸配列をデータベース化し、全長cDNAデータベースとした。

3. DD法で選択した塩基配列との照合

2の全長cDNAデータベースに対して、1で選択した76クロンの配列は、公知の塩基配列に同一のものがなく（すなわち新規）、しかも全長cDNAクローンと判定されたcDNAクローンと同一の塩基配列からなっていることが判明した。塩基配列が一致した全長cDNAクロンの塩基配列と対応するアミノ酸配列の配列番号を表1に示した。

最終的に、正常胃粘膜（#3または#12）に比べ、胃癌組織（#13または#18）において5倍以上発現が増加、あるいは、正常胃粘膜#3および#12双方に対して3倍以上増加する遺伝子として、表2の選出法に「13a」（#13で#3の5倍以上）、「13b」（#13で#12の5倍以上）、「13c」（#13で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上）、「18a」（#18で#3の5倍以上）、「18b」（#18で#12の5倍以上）、または「18c」（#18で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上）と記載された配列で示される遺伝子が選択された。これらの遺伝子は、以下のものが含まれる：HEMBB1001294、NT2RP2001327、NT2RP2000459、Y79AA1000784、NT2RM4001382、HEMBA1002716、NT2RP2002193、THYRO1000401、OVARC1000781、PLACE4000052、NT2RP3002948、PLACE1001845、PLACE1006469、PLACE1000786、MAMMA1000416、PLACE1005409、NT2RP3000605、

NT2RM4002390、HEMBA1004055、PLACE1005603、HEMBA1002150、Y79AA1000258、
NT2RM1001105、PLACE1006037、OVARC1001270、HEMBB1001482、MAMMA1000416、
PLACE1000133、NT2RP2004013、PLACE3000242、NT2RP3003290、HEMBA1006676、
NT2RM2001696、HEMBA1007085、NT2RP3000109、PLACE1004506、PLACE1005409、
NT2RP2003272、HEMBA1005621、NT2RP3002399、NT2RM2000101、NT2RP2002208、
NT2RM4000514、NT2RP3002273、MAMMA1000284、HEMBA1007085、HEMBA1004669、お
よび NT2RP3001730。

また、胃癌組織#13に比べ、リンパ節転移巣の癌組織#14において5倍以上発現
が増加する遺伝子として、表2の選出法に「14」と記載された配列で示される遺
伝子が選択された。これらの遺伝子は以下のものが含まれる：NT2RP2001420、
PLACE1000786、および MAMMA1002143。

あるいは、胃癌細胞株OCUM-2Mに比べ、腹膜播種能の高い胃癌細胞株OCUM-2MD3
で5倍以上発現が上昇する遺伝子として以下のものが選択された：

MAMMA1001388

更に、正常切除胃粘膜細胞（#3または#12）に比べ、ヌード（SCID）マウス移植
胃癌#5で5倍以上発現が上昇、あるいは、正常胃粘膜#3および#12双方に対して3
倍以上上昇する遺伝子として、表2の選出法に「5a」（#5で#3の5倍以上）、「5b」
（#5で#12の5倍以上）、または「5c」（#5で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上）と記
載された配列で示される遺伝子が選択された。これらの遺伝子は以下のものが含
まれる：MAMMA1002351、NT2RP2001327、NT2RM1000355、Y79AA1000784、NT2RM4001382、
NT2RM1000055、PLACE1008947、MAMMA1002461、NT2RP3004041、NT2RM2001637、
PLACE1006469、HEMBA1002417、HEMBB1002600、NT2RM4002390、Y79AA1000258、
NT2RM4000027、MAMMA1002143、NT2RP4000973、NT2RP2005360、HEMBA1003615、
NT2RM2000522、HEMBA1002475、NT2RP2004242、NT2RM2001637、Y79AA1000784、
NT2RM4001382、HEMBA1004889、HEMBA1006676、NT2RM2001696、NT2RM4002593、
Y79AA1001781、HEMBA1003805、NT2RP2002606、NT2RP3003876、OVARC1001726、

HEMBA1005621、NT2RM4000514、NT2RM1000039、MAMMA1001388、MAMMA1001388、
HEMBA1007085、NT2RM2001345、NT2RP2000289、NT2RM4001155、および NT2RP3002818。

4. 選択されたクローンの特性

これらのクローンについてATGprによる全長性の評価結果を以下に示す。ATGprは、ATGコドンの周辺の配列の特徴から翻訳開始コドンであるかどうかを予測するためにヘリックス研究所のA. A. Salamov, T. Nishikawa, M. B. Swindellsにより開発されたプログラムである [A. A. Salamov, T. Nishikawa, M. B. Swindells, Bioinformatics, 14: 384-390 (1998); <http://www.hri.co.jp/atgpr/>]。結果は、そのATGが真の開始コドンである期待値（以下ATGprIと記載することもある）で表した。

HEMBA1002150 0.31

HEMBA1002417 0.83

HEMBA1002475 0.88

HEMBA1002716 0.14

HEMBA1003615 0.94

HEMBA1003805 0.94

HEMBA1004055 0.74

HEMBA1004669 0.94

HEMBA1004889 0.94

HEMBA1005621 0.94

HEMBA1006676 0.17

HEMBA1007085 0.73

HEMBA1001294 0.86

HEMBA1001482 0.44

HEMBA1002600 0.91

MAMMA1000284	0.35
MAMMA1000416	0.89
MAMMA1001388	0.94
MAMMA1002143	0.91
MAMMA1002351	0.89
MAMMA1002461	0.49
NT2RM1000039	0.77
NT2RM1000055	0.89
NT2RM1000355	0.94
NT2RM1001105	0.94
NT2RM2000101	0.77
NT2RM2000522	0.91
NT2RM2001345	0.94
NT2RM2001637	0.71
NT2RM2001696	0.94
NT2RM4000027	0.40
NT2RM4000514	0.72
NT2RM4001155	0.94
NT2RM4001382	0.93
NT2RM4002390	0.18 (最大ATGpr2値は 0.24)
NT2RM4002593	0.91
NT2RP2000289	0.06 (最大ATGpr2値は 0.35)
NT2RP2000459	0.12
NT2RP2001327	0.86
NT2RP2001420	0.88
NT2RP2002193	0.48

NT2RP2002208 0.49

NT2RP2002606 0.11

NT2RP2003272 0.94

NT2RP2004013 0.48

NT2RP2004242 0.94

NT2RP2005360 0.12

NT2RP3000109 0.18

NT2RP3000605 0.92

NT2RP3001730 0.77

NT2RP3002273 0.90

NT2RP3002399 0.91

NT2RP3002818 0.91

NT2RP3002948 0.60

NT2RP3003290 0.62

NT2RP3003876 0.42

NT2RP3004041 0.52

NT2RP4000973 0.36

OVARC1000781 0.80

OVARC1001270 0.48

OVARC1001726 0.18

PLACE1000133 0.53

PLACE1000786 0.88

PLACE1001845 0.08

PLACE1004506

PLACE1005409 0.09

PLACE1005603 0.92

PLACE1006037 0.65
PLACE1006469 0.85
PLACE1008947 0.05
PLACE3000242 0.94
PLACE4000052 0.80
THYRO1000401 0.73
Y79AA1000258 0.36
Y79AA1000784 0.93
Y79AA1001781 0.74

次にこれらのクローンの全長塩基配列から推定されたアミノ酸配列に対して、アミノ末端のシグナル配列の有無と膜貫通領域の有無を予測、さらに蛋白質の機能ドメイン(モチーフ)検索を行った。アミノ末端のシグナル配列についてはPSORT [K. Nakai & M. Kanehisa, Genomics, 14: 897-911 (1992)]を、膜貫通領域についてはSOSUI [T. Hirokawa et.al. Bioinformatics, 14: 378-379 (1998)] (三井情報開発株式会社販売)を用いて解析を行った。機能ドメインの検索についてはPfam (<http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/index.shtml>)を用いた。PSORTやSOSUIにより、アミノ末端のシグナル配列や膜貫通領域が予測されたアミノ酸配列は分泌、膜蛋白質であると予測された。また、Pfamによる機能ドメイン検索において、ある機能ドメインにヒットしたアミノ酸配列はヒットデータをもとに、例えばPROSITE(<http://www.expasy.ch/cgi-bin/prosite-list.pl>)にある機能カテゴリー分類を参照にしてその蛋白質の機能予測することができる。また、PROSITEでの機能ドメインの検索も可能である。

その結果、Y79AA1000258は、PSORTにより推定アミノ酸配列にシグナル配列を検出された。また、HEMBA1002150、HEMBA1004889、HEMBB1002600、MAMMA1000416、MAMMA1001388、MAMMA1002461、NT2RM1000355、NT2RP2000289、NT2RP2000459、

NT2RP4000973、PLACE4000052、HEMBA1004055、およびY79AA1000258 は、SOSU1により推定アミノ酸配列に膜貫通領域が検出された。

各クローンの全長塩基配列および推定アミノ酸配列に基づく公知の遺伝子データベースに対する相同性検索結果を以下に示す。各データは、配列名、最も類似性が高かったヒットデータのDefinition、P値、比較配列の長さ、相同性、ヒットデータのAccession No. の順に//で区切って記載した。ここでP値とは、配列間の類似性を統計的に起こりうる確率を考慮してスコアで示したもので、一般に値が小さいと類似性が高い(Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. (1990) "Basic local alignment search tool." J. Mol. Biol. 215:403-410; Gish, W. & States, D.J. (1993) "Identification of protein coding regions by database similarity search." Nature Genet. 3:266-272)。

HEMBA100241// "Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28784, complete sequence." //1.4E-299//294bp//100%/AC005954

HEMBA1002417//TIGHT JUNCTION PROTEIN ZO-1 (TIGHT JUNCTION PROTEIN 1). //1.00E-121//489aa//52%/P39447

HEMBA1002475//SKIN SECRETORY PROTEIN XP2 PRECURSOR (APEG PROTEIN). //1.10E-12//285aa//31%/P17437

HEMBA1003615//Homo sapiens ART-4 mRNA, complete cds. //0//1713bp//99%/AB026125

HEMBA1003805//Mus musculus KH domain RNA binding protein QKI-5A mRNA, complete cds. //0//988bp//95%/AF090402

HEMBA1004669//SON PROTEIN (SON3). //7.30E-17//288aa//36%/P18583

HEMBA1004889//Human C3f mRNA, complete cds. //6.70E-24//341aabb//26%/U72515

HEMBA1005621// "Homo sapiens Mad2B protein (MAD2B) mRNA, complete

cds."//2.9E-224//1031bp//99%//AF139365

HEMBA1005621//Homo sapiens Mad2-like protein mRNA, complete cds.//8.00E-211//962bp//99%//AF072933

HEMBB1001294//GTP-BINDING PROTEIN TC10.//1.20E-79//196aa//80%//P17081

HEMBB1001482//ZINC FINGER PROTEIN 91 (ZINC FINGER PROTEIN HTF10) (HPF7).//2.10E-57//941aa//27%//Q05481

HEMBB1002600//Homo sapiens tetraspan NET-5 mRNA, complete cds.//0//1417bp//99%//AF089749

MAMMA1000284//P.walti mRNA for rnp associated protein 55.//2.20E-109//864bp//76%//X99836

MAMMA1000416//HYPOTHETICAL 32.0 KD PROTEIN C09F5.2 IN CHROMOSOME III.//2.00E-30//119aa//53%//Q09232

MAMMA1001388//LEUCINE-RICH ALPHA-2-GLYCOPROTEIN (LRG).//1.40E-165//312aa//99%//P02750

MAMMA1002143//Homo sapiens Cdc42 effector protein 4 mRNA, complete cds.//1.70E-252//1170bp//99%//AF099664

MAMMA1002351//FERRIPYOCHELIN BINDING PROTEIN.//0.000078//127aa//26%//P40882

MAMMA1002351//Mus musculus dynactin subunit p25 (p25) mRNA, complete cds.//4.30E-119//773bp//86%//AF190795

NT2RM1000039//HYPOTHETICAL 41.4 KD PROTEIN IN SRLQ-HYPF INTERGENIC REGION (EC 1.18.1.-) (ORF4) (ORF2).//2.90E-14//299aa//25%//P37596

NT2RM1000055//Homo sapiens mRNA for KIAA0829 protein, partial cds."//0//3111bp//99%//AB020636

NT2RM1000055//Rattus norvegicus mRNA for TIP120, complete cds.//0//3106bp//89%//D87671

NT2RM1000355//Homo sapiens transmembrane protein BRI (BRI) mRNA, complete
cds.//0//1599bp//99%//AF152462

NT2RM2000522//SKIN SECRETORY PROTEIN XP2 PRECURSOR (APEG
PROTEIN).//1.30E-12//282aa//32%//P17437

NT2RM2001345//VEGETATIBLE INCOMPATIBILITY PROTEIN HET-E-1.//2.90E-
08//334aa//22%//Q00808

NT2RM4001155//ADRENAL MEDULLA 50 KD PROTEIN.//4.10E-
197//445aa//78%//Q27969

NT2RM4001382//Homo sapiens RanBP7/importin 7 mRNA, complete cds.//2.20E-
237//1079bp//99%//AF098799

NT2RP2001327//TUMOR NECROSIS FACTOR, ALPHA-INDUCED PROTEIN 1, ENDOTHELIAL
(B12 PROTEIN).//5.50E-116//311aa//71%//Q13829

NT2RP2001420//Mus musculus nuclear protein NIP45 mRNA, complete
cds.//9.00E-112//742bp//82%//U76759

NT2RP2002193//Homo sapiens PIAS3 mRNA for protein inhibitor of activated
STAT3, complete cds.//0//2809bp//99%//AB021868

NT2RP2002606//Rattus norvegicus Rabin3 mRNA, complete cds.//9.20E-
147//874bp//87%//U19181

NT2RP2003272//Homo sapiens ubiquilin mRNA, complete
cds.//0//1789bp//99%//AF176069

NT2RP2004013//TRANSCRIPTION FACTOR BTF3 (RNA POLYMERASE B TRANSCRIPTION
FACTOR 3).//2.30E-53//141aa//78%//P20290

NT2RP2004242//NEUROFILAMENT TRIPLET H PROTEIN (200 KD NEUROFILAMENT
PROTEIN) (NF-H).//9.90E-12//427aa//26%//P19246

NT2RP2005360//Homo sapiens sentrin/SUMO-specific protease (SENPI) mRNA,
complete cds.//1.30E-52//753bp//67%//AF149770

NT2RP3000109//P54 PROTEIN PRECURSOR.//0.0000065//358aa//22%/P13692

NT2RP3000605//Mus musculus mRNA for wizL, complete
cds.//0//2232bp//82%/AB012265

NT2RP3001730//SEPTIN 2 HOMOLOG (FRAGMENT).//7.10E-132//294aa//84%/Q14141

NT2RP3002273//SCD6 PROTEIN.//1.30E-09//295aa//28%/P45978

NT2RP3002399//DNA REPLICATION LICENSING FACTOR MCM4 (CDC21 HOMOLOG) (P1-
CDC21).//8.60E-79//416aa//34%/P33991

NT2RP3002818//INSERTION ELEMENT IS2A HYPOTHETICAL 48.2 KD
PROTEIN.//5.70E-226//303aa//97%/P51026

NT2RP3002948//RING CANAL PROTEIN (KELCH PROTEIN).//2.00E-
111//551aa//42%/Q04652

NT2RP3003290//Mus musculus mRNA for Ndr1 related protein Ndr3, complete
cds.//1.5e-310//1468bp//82%/AB033922

NT2RP3003876//Rattus norvegicus Rabin3 mRNA, complete cds.//4.50E-
147//874bp//87%/U19181

NT2RP4000973//PROBABLE PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE P5 PRECURSOR (EC
5.3.4.1).//1.40E-26//90aa//42%/P38660

OVARC1001726//APICAL-LIKE PROTEIN (APXL PROTEIN).//4.30E-
16//116aa//43%/Q13796

PLACE1000133//TRANSCRIPTION FACTOR BTF3 (RNA POLYMERASE B TRANSCRIPTION
FACTOR 3).//1.80E-62//158aa//81%/P20290

PLACE1000786//PUTATIVE RHO/RAC GUANINE NUCLEOTIDE EXCHANGE FACTOR (RHO/RAC
GEF) (FACIOGENITAL DYSPLASIA PROTEIN HOMOLOG).//7.10E-
09//59aa//47%/P52734

PLACE1001845//Mus musculus cyclin ania-6a mRNA, complete cds.//3.30E-
31//925bp//62%/AF159159

PLACE1004506//Homo sapiens carboxyl terminal LIM domain protein (CLIM1) mRNA, complete cds.//2.10E-16//402bp//62%/U90878

PLACE1006469//ACETYL-COENZYME A SYNTHETASE (EC 6.2.1.1) (ACETATE--COA LIGASE) (ACYL- ACTIVATING ENZYME).//1.20E-83//313aa//49%/P27550

PLACE3000242//Homo sapiens mRNA for KIAA1114 protein, complete cds."//0//2786bp//96%/AB029037

PLACE3000242//Human trophinin mRNA, complete cds.//0//2290bp//99%/U04811

PLACE4000052//Homo sapiens ATP cassette binding transporter 1 (ABC1) mRNA, complete cds.//0//4661bp//99%/AF165281

THYR01000401//Human TcD37 homolog (HTcD37) mRNA, partial cds.//1.10E-90//430bp//99%/U67085

Y79AA1000784//Homo sapiens RanBP7/importin 7 mRNA, complete cds."//1.10E-236//1076bp//99%/AF098799

5. 高密度DNAフィルターを用いた、ハイブリダイゼーションによる遺伝子発現解析

ナイロン膜スポット用のDNAは以下のように調製した。すなわち、プラスミドを保持した大腸菌を96穴プレートの各ウェルに培養し (LB培地で37度、16時間)、その培養液の一部を、96穴プレートの10 μ lずつ分注した滅菌水中に懸濁し、100度で10分間処理した後、PCR反応のサンプルとして使用した。PCRはTaKaRa PCR Amplification Kit (宝社製) を用い、プロトコールに従って1反応20 μ lの反応溶液で行った。プラスミドのインサートcDNAを増幅するために、プライマーはシーケンシング用のプライマーME761FW (5' tacggaagtgttacttctgc3' /配列番号: 1 5 4)とME1250RV (5' tgtgggaggttttttctcta3' /配列番号: 1 5 5)のペア、またはM13M4 (5' gttttcccagtcacgac3' /配列番号: 1 5 6)とM13RV (5' caggaaacagctatgac3' /配列番号: 1 5 7)のペアを使用した。PCR反応は、

GeneAmp System9600 (PEバイオシステムズ社製) で、95度5分間処理後、95度10秒、68度1分間で10サイクルし、さらに98度20秒間、60度3分間で20サイクル行い、72度10分間で行った。PCR反応後、2 μ lの反応液を1%アガロースゲル電気泳動して、臭化エチジウムでDNAを染色し、増幅したcDNAを確認した。増幅できなかったものは、そのcDNAインサートをもつプラスミドを、アルカリ抽出法 (J Sambrook, EF Fritsh, T Maniatis, Molecular Cloning, A laboratory manual / 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) で調製した。

DNAアレイの作製は以下のように行った。384穴プレートの各ウェルにDNAを分注した。ナイロン膜 (ベーリンガー社製) へのDNAのスポッティングは、Biomek2000 ラボラトリーオートメーションシステム (ベックマンコールター社製) の384ピンツールを用いて行った。すなわち、DNAの入った384穴プレートをセットした。そのDNA溶液に、ピンツールの384個の独立した針を同時に浸漬し、DNAを針にまぶした。その針を静かにナイロン膜に押し当てることによって、針に付着したDNAをナイロン膜にスポッティングした。スポットしたDNAの変性および、ナイロン膜への固定は定法 (J Sambrook, EF Fritsh, T Maniatis, Molecular Cloning, A laboratory manual / 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) に従って行った。

ハイブリダイゼーションのプロープとしては、ラジオアイソトープでラベリングした1st strand cDNAを使用した。1st strand cDNAの合成はThermoscript^(TM) RT-PCR System (GIBCO社製) を用いて行った。すなわち、ヒトの各組織由来mRNA (Clontech社製) の1.5 μ gと、1 μ l 50 μ M Oligo (dT) 20を用いて、50 μ Ci [α ³²P] dATPを添加して付属のプロトコールに従って1st strand cDNAを合成した。プロープの精製は、ProbeQuant^(TM) G-50 micro column (アマシャムファルマシアバイオテック社製) を用いて付属のプロトコールに従って行った。次に、2 units E. coli RNase Hを添加して、室温で10分間インキュベートし、さらに100 μ gヒト COT-1 DNA (GIBCO社製) を添加して、97度で10分間インキュベート後、氷上に静

置してハイブリダイゼーション用のプローブとした。

ラジオアイソトープラベルしたプローブの、DNAアレイへのハイブリダイゼーションは、定法 (J Sambrook, EF Fritsh, T Maniatis, Molecular Cloning, A laboratory manual / 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) に従って行った。洗浄は、ナイロン膜を洗浄液1 (2X SSC, 1% SDS) 中で、室温 (約26度) で20分間のインキュベートを3回洗浄した後、洗浄液2 (0.1X SSC, 1% SDS) 中で、65度で20分間の洗浄を3回行った。オートラジオグラムは、BAS2000 (富士写真フイルム社製) のイメージプレートを用いて取得した。すなわち、ハイブリダイゼーションしたナイロン膜をサランラップに包み、イメージプレートの感光面に密着させて、ラジオアイソトープ感光用のカセットに入れて、暗所で4時間静置した。イメージプレートに記録したラジオアイソトープ活性は、BAS2000を用いて解析し、オートラジオグラムの画像ファイルとして電子的に変換して記録した。各DNAスポットのシグナル強度の解析は、Visage High Density Grid Analysis Systems (ジェノミックソリューションズ社製) を用いて行い、シグナル強度を数値データ化した。データはDuplicateで取得し、その再現性は2つのDNAフィルターを1つのプローブでハイブリダイゼーションして、両フィルターで対応するスポットのシグナル強度を比較した。全スポットの95%が、相当するスポットに対して2倍以内のシグナル値であり、相関係数は $r=0.97$ である。データの再現性は十分といえる。

遺伝子発現解析の検出感度は、ナイロン膜にスポットしたDNAに相補的なプローブを作製し、ハイブリダイゼーションにおける、プローブ濃度依存的なスポットのシグナル強度の増加を検討して見積もった。DNAとしては、PLACE1008092

(GenBank Accession No. AF107253と同一)を使用した。前述の方法でPLACE1008092のDNAアレイを作製した。プローブとしては、PLACE1008092のmRNAをin vitro合成し、このRNAを鋳型として、前述のプローブ作製法と同様にして、ラジオアイソトープでラベリングした1st strand cDNAを合成して使用した。PLACE1008092のmRNA

をin vitro合成するために、pBluescript SK(-)のT7プロモーター側に PLACE1008092の5'末端が結合されるように組み替えたプラスミドを造成した。すなわち、pME18SFL3の制限酵素DraIII認識部位に組み込まれたPLACE1008092を、制限酵素XhoIで切断してPLACE1008092を切り出した。次にXhoIで切断してある pBluescript SK(-)と、切り出したPLACE1008092をDNA ligation kit ver.2 (宝社製)を用いてライゲーションした。pBluescript SK(-)に組み替えたPLACE1008092のmRNAのin vitro合成は、Ampliscribe^(TM) T7 high yield transcription kit (Epicentre technologies社製)を用いて行った。ハイブリダイゼーションおよび各DNAスポットのシグナル値の解析は、前述の方法と同様に行った。プローブ濃度が $1 \times 10^7 \mu\text{g/ml}$ 以下では、プローブ濃度に比例したシグナル増加が無いことから、この濃度域でのシグナルの比較は困難と考えられ、シグナル強度が40以下のスポットは一律に低レベルのシグナルとした。 $1 \times 10^7 \sim 0.1 \mu\text{g/ml}$ の範囲でプローブ濃度依存的なシグナル値の増加があり、検出感度としてはサンプルあたり発現量比が1:100,000のmRNAの検出感度である。

ヒト正常組織 (heart, lung, pituitary gland, thymus, brain, kidney, liver, spleen) における、各cDNAの発現量を0~10,000の数値で示した。その結果、少なくとも1つの組織で発現の認められる遺伝子は以下のクローンである。

HEMBA1002150、HEMBA1002417、HEMBA1003615、HEMBA1003805、HEMBA1004669、
HEMBA1006676、HEMBA1007085、HEMBA1001294、MAMMA1000284、MAMMA1000416、
MAMMA1001388、MAMMA1002143、MAMMA1002351、MAMMA1002461、NT2RM1000039、
NT2RM1000355、NT2RM2000101、NT2RM2001345、NT2RM2001696、NT2RM4001155、
NT2RM4001382、NT2RM4002593、NT2RP2000289、NT2RP2000459、NT2RP2001327、
NT2RP2001420、NT2RP2002193、NT2RP2002208、NT2RP2003272、NT2RP2004013、
NT2RP2005360、NT2RP3001730、NT2RP3002273、NT2RP3002399、NT2RP3003290、
NT2RP3003876、OVARC1001726、PLACE1000786、PLACE1004506、PLACE1005409、

PLACE1006469、PLACE1008947、PLACE3000242、PLACE4000052、THYR01000401、Y79AA1000258。

またこれら全ての組織で発現の認められる遺伝子は以下のクローンである。
HEMBA1002150、HEMBA1007085、MAMMA1000416、MAMMA1001388、NT2RM1000039。

またこれらどの組織でも発現の低い遺伝子は以下のクローンである。
HEMBA1002475、HEMBA1002716、HEMBA1004055、HEMBA1004889、HEMBA1005621、
HEMBA1001482、HEMBA1002600、NT2RM1000055、NT2RM1001105、NT2RM2000522、
NT2RM2001637、NT2RM4000027、NT2RM4000514、NT2RM4002390、NT2RP2002606、
NT2RP2004242、NT2RP3000109、NT2RP3000605、NT2RP3002818、NT2RP3002948、
NT2RP3004041、NT2RP4000973、OVARC1000781、OVARC1001270、PLACE1000133、
PLACE1001845、PLACE1005603、PLACE1006037、Y79AA1000784、Y79AA1001781。

これらのデータを統計解析することによって、発現に特徴のある遺伝子を選別した。発現量が各組織間において大きく変動する遺伝子を選別する例を示す。

発現の変動の比較的少ないOVARC1000037 {heterogeneous nuclear ribonucleoprotein (hnRNP)} の発現に比べて、発現量が各組織間で大きく変動する遺伝子は、以下のように決定した。すなわちOVARC1000037の各組織でのシグナル強度の偏差平方和を求め、自由度7で除して分散 S_0^2 を決定した。次に比較する遺伝子の各組織でのシグナル強度の偏差平方和を求め、自由度7で除してその分散 S_i^2 を決定した。分散比 $F = S_i^2 / S_0^2$ として、F分布の有意水準5%以上の遺伝子を抽出した。その結果、HEMBA1002150、MAMMA1000416、NT2RM1000039、NT2RM1000355が抽出された。このように多数の遺伝子の発現を比較し統計解析することによって、ある遺伝子の発現の特徴を示した。

6. 疾患関連遺伝子の解析

非酵素的蛋白糖化反応は各種糖尿病慢性合併症の原因とされている。したがって糖化蛋白質特異的に発現の上昇または減少する遺伝子は、糖化蛋白質による糖

尿病合併症に関する遺伝子である。血液中に存在する糖化蛋白によって影響を受けるのは、血管壁の細胞である。非酵素的タンパク質糖化反応物には、軽度の糖化タンパク質であるアマドリ化合物 (glycated protein) と、重度の糖化タンパク質である終末糖化物質 (advanced glycosylation endproduct) がある。そこで内皮細胞において、これらタンパク質特異的に発現の変化する遺伝子を探索した。内皮細胞を糖化蛋白質存在下または非存在下で培養してmRNAを抽出し、ラジオアイソトープでラベルした1st strand cDNAプローブを用いて、前記のDNAアレイとハイブリダイゼーションして、各スポットのシグナルをBAS2000で検出して ArrayGauge (富士写真フイルム社製) で解析した。

終末糖化物質ウシ血清アルブミンの調製は、ウシ血清アルブミン (sigma社製) を50mM Glucoseのリン酸バッファー中で37度、8週間インキュベートして褐色化したBSAを、リン酸バッファーに対して透析して行った。

正常ヒト肺動脈内皮細胞 (Cell Applications社製) は、組織培養用のディッシュ (Farcon社製) を用いて、endothelial cell growth medium (Cell Applications社製) 中で、インキュベーター (37度、5% CO₂、加湿) に入れ、培養した。細胞がディッシュにコンフルエントになったところで、ウシ血清アルブミン (sigma社製)、糖化ウシ血清アルブミン (sigma社製) または終末糖化物質ウシ血清アルブミンを250 μ g/ml添加して33時間インキュベートした。細胞からのmRNAの抽出は、FastTrackTM 2.0 kit (Invitrogen社製) を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このmRNAを用いて、前記の方法で同様にして行った。

ウシ血清アルブミン、糖化ウシ血清アルブミンまたは終末糖化物質ウシ血清アルブミンを含有する培地で培養したヒト肺動脈内皮細胞の、各cDNAの発現を測定した結果、内皮細胞で発現の認められる遺伝子は以下のクローンである。

HEMBA1003615、HEMBA1003805、HEMBA1004669、HEMBA1007085、HEMBA1001294、

HEMBA1002600、MAMMA1000284、MAMMA1000416、MAMMA1001388、MAMMA1002461、

NT2RM1000039、NT2RM1000355、NT2RM2000101、NT2RM2001345、NT2RM2001696、
NT2RM4000514、NT2RM4001382、NT2RP2001327、NT2RP2001420、NT2RP2002208、
NT2RP2002606、NT2RP2003272、NT2RP2004013、NT2RP2004242、NT2RP2005360、
NT2RP3001730、NT2RP3002273、NT2RP3002399、NT2RP3003290、NT2RP3003876、
NT2RP3004041、NT2RP4000973、PLACE1000133、PLACE1001845、PLACE1004506、
PLACE3000242、Y79AA1000784。

7. 神経細胞分化関連遺伝子の解析

神経細胞の分化に関する遺伝子は、神経疾患の治療に有用な遺伝子である。神経系の細胞を分化誘導して発現変化する遺伝子は、神経疾患に関すると考えられる。

神経系の培養細胞NT2を分化誘導（レチノイン酸(RA)刺激）して発現変化する遺伝子を探索した。

NT2細胞の取扱いについては、基本的に付属のINSTRUCTION MANUALに従った。未分化NT2細胞とは、OPTI-MEM I (GIBCO BRL社製、カタログNo. 31985)、10% (v/v) fetal bovine serum (GIBCO BRL社製)、1% (v/v) penicillin-streptomycin (GIBCO BRL社製)の培地で継代していたNT2細胞である。レチノイン酸存在下で培養したNT2細胞とは、未分化NT2細胞をD-MEM (GIBCO BRL社製、カタログNo. 11965)、10% (v/v) fetal bovine serum、1% (v/v) penicillin-streptomycin、10 μ M Retinoic acid (GIBCO BRL社製)のレチノイン酸添加培地に移した後、5週間継代後の細胞である。RA存在下で培養してさらに阻害剤を添加して培養したNT2細胞とは、レチノイン酸添加5週間を経たNT2細胞を細胞分裂阻害剤を添加した培地D-MEM (GIBCO BRL社製、カタログNo. 11965)、10% (v/v) fetal bovine serum、1% (v/v) penicillin-streptomycin、10 μ M Retinoic acid、10 μ M FudR (5-Fluoro-2'-deoxyuridine : GIBCO BRL社製)、10 μ M Urd (Uridine : GIBCO BRL社製)、1 μ M araC (Cytosine β -D-Arabinofuranoside : GIBCO BRL社製)に移した後2週間後の細胞である。それぞれ

の細胞はトリブシン処理して回収後、total RNAの抽出を、S.N.A.P.TM total RNA isolation kit (Invitrogen社製) を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このtotal RNA 10 μ gを用いて、前記の方法で同様に行なった。

データは $n=3$ で取得し、分化誘導刺激ありの細胞のシグナルと、なしの細胞のシグナルを比較した。比較には二標本t検定の統計処理を行って、シグナル値の分布に有意に差があるクローンを、 $p < 0.05$ で選択した。本解析は、シグナル値の低いクローンであっても差を統計的に検出できる。したがって40以下のシグナル値のクローンに対しても評価を行った。

それぞれ細胞の各遺伝子についてシグナル値の平均 (M_1, M_2) と標本分散 (s_1^2, s_2^2) を求め、比較する2つの細胞の標本分散から合成標本分散 s^2 を求めた。 $t = (M_1 - M_2) / s / (1/3 + 1/3)^{1/2}$ を求めた。自由度4としてt分布表の有意水準の確率Pである0.05と0.01のt値と比較して、値が大きい場合にそれぞれ $P < 0.05$ 、または $P < 0.01$ で両細胞の遺伝子の発現に差があると判定した。

HEMBA1003805、HEMBA1004669、HEMBA1007085、NT2RM1000039、NT2RM1001105、NT2RM2001637、NT2RP2001420、NT2RP2002193、NT2RP2002208、NT2RP2003272、NT2RP3000109、NT2RP3000605、NT2RP3003290、NT2RP3004041、PLACE1001845、PLACE1005409、PLACE3000242 は、RAにより発現が増加した。NT2RM1000355、NT2RP2002193、NT2RP2003272、NT2RP3004041、PLACE1004506、PLACE1005603、PLACE3000242は、RA/阻害剤で発現が増加した。また、NT2RM4002593 はRA/阻害剤で発現が減少した。また、NT2RP2002193、NT2RP2003272、NT2RP3004041、PLACE3000242 はRAと、RA/阻害剤の両方で発現が増加した。これらのクローンは神経疾患に関するクローンである。

8. リウマチ関連遺伝子の解析

慢性関節リュウマチの成因には、関節腔の内面を覆っている滑膜細胞の増殖や、

関節滑膜組織に浸潤した白血球が産生するサイトカインの作用による炎症反応が関係していると考えられている（リュウマチ情報センター、<http://www.rheuma-net.or.jp/>）。最近の研究によれば、tissue necrosis factor (TNF) - α が関与することがわかっている（Current opinion in immunology 1999, 11:657-662）。TNFが滑膜細胞に作用して発現変化する遺伝子は、リュウマチに関すると考えられる。

初代培養滑膜細胞をTNF- α 存在下で培養して発現変化する遺伝子を探索した。初代培養平滑筋細胞（Cell Applications社製）は、培養皿にコンフルエントに培養して、10 ng/ml human TNF- α （ペーリンガーマンハイム社製）を終濃度にして添加してさらに24時間培養した。

細胞からのtotal RNAの抽出は、S.N.A.P.^(TM) total RNA isolation kit（Invitrogen社製）を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このtotal RNA 10 μ gを用いて、前記の方法で同様にして行った。データは $n = 3$ で取得し、TNF刺激ありの細胞のシグナル値と、なしの細胞のシグナル値を比較した。比較には二標本t検定の統計処理を行って、シグナル値の分布に有意に差があるクローンを、 $p < 0.05$ で選択した。本解析は、シグナル値の低いクローンであっても差を統計的に検出できる。したがって40以下のシグナル値のクローンに対しても評価を行った。

それぞれ細胞の各遺伝子についてシグナル値の平均 (M_1, M_2) と標本分散 (s_1^2, s_2^2) を求め、比較する2つの細胞の標本分散から合成標本分散 s^2 を求めた。 $t = (M_1 - M_2) / s / (1/3 + 1/3)^{1/2}$ を求めた。自由度4としてt分布表の有意水準の確率Pである0.05と0.01のt値と比較して、値が大きい場合にそれぞれ $P < 0.05$ 、または $P < 0.01$ で両細胞の遺伝子の発現に差があると判定した。

その結果、HEMBA1004889、MAMMA1000416、NT2RM1000039、NT2RM2000101、NT2RM4000514、NT2RP2003272、NT2RP3002399、Y79AA1000784 は、TNF- α で発現が増加した。また、HEMBA1002150、NT2RP3003290、OVARC1001270は、TNF- α

で発現が減少した。これらのクローンはリュウマチに関するクローンである。

9. 紫外線傷害関連遺伝子の解析

紫外線は健康に少なからず影響を及ぼすことが知られている。近年はオゾン層破壊に伴って紫外線傷害にさらされる機会が多くなっており、皮膚癌などの危険因子として認識されてきている (United States Environmental Protection Agency: Ozone Depletion Home Page, <http://www.epa.gov/ozone/>)。紫外線が皮膚表皮細胞に作用して発現変化する遺伝子は、皮膚の紫外線傷害に関すると考えられる。

紫外線照射した初代培養皮膚由来線維芽細胞を培養して、発現変化する遺伝子を探索した。初代培養皮膚由来線維芽細胞 (Cell Applications社製) は、培養皿にコンフルエントに培養して、254 nmの紫外線を10,000 $\mu\text{J}/\text{cm}^2$ 照射した。細胞からのmRNAの抽出は、未照射の細胞、照射後4時間または24時間培養した細胞を対象に、FastTrack™ 2.0 mRNA isolation kit (Invitrogen社製) を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このmRNA 1.5 μg を用いて、前記の方法で同様にして行った。データは $n = 3$ で取得し、紫外線刺激ありの細胞のシグナル値と、なしの細胞のシグナル値を比較した。比較には二標本t検定の統計処理を行って、シグナル値の分布に有意に差があるクローンを、 $p < 0.05$ で選択した。本解析は、シグナル値の低いクローンであっても差を統計的に検出できる。したがって40以下のシグナル値のクローンに対しても評価を行った。

それぞれ細胞の各遺伝子についてシグナル値の平均 (M_1, M_2) と標本分散 (s_1^2, s_2^2) を求め、比較する2つの細胞の標本分散から合成標本分散 s^2 を求めた。 $t = (M_1 - M_2) / s / (1/3 + 1/3)^{1/2}$ を求めた。自由度4としてt分布表の有意水準の確率Pである0.05と0.01のt値と比較して、値が大きい場合にそれぞれ $P < 0.05$ 、または $P < 0.01$ で両細胞の遺伝子の発現に差があると判定した。未分化の細胞に比べてシグナル

の平均値が、増加 (+) または減少を (-) 記した。

次のクローンは、紫外線照射によって、4時間後または24時間後に発現が減少した。これらクローンは紫外線傷害に関するクローンである。

HEMBA1002475、HEMBA1004055、HEMBA1004669、HEMBA1006676、HEMBA1007085、
HEMBB1002600、MAMMA1000284、MAMMA1000416、NT2RM1000039、NT2RM2000101、
NT2RM2001696、NT2RM4002593、NT2RP2000459、NT2RP2001327、NT2RP2001420、
NT2RP2002193、NT2RP2002208、NT2RP2003272、NT2RP2004013、NT2RP2004242、
NT2RP3000109、NT2RP3000605、NT2RP3001730、NT2RP3002273、NT2RP3003290、
NT2RP4000973、OVARC1000781、OVARC1001270、OVARC1001726、PLACE1000133、
PLACE1001845、PLACE1004506、PLACE1005409、PLACE1005603、PLACE1006037、
PLACE1006469、PLACE1008947、PLACE3000242、PLACE4000052、THYRO1000401、
Y79AA1000784、Y79AA1001781。

産業上の利用の可能性

本発明により、胃癌に関連する遺伝子が提供された。本発明の胃癌関連遺伝子は、胃癌において特異的に発現レベルの変化が見出された遺伝子である。したがって、現在の胃癌の診断および治療が一新される可能性が高い。胃癌のスクリーニングは、現在のところ一定の年齢以上となった健常者を対象として、主に内視鏡やX線検査等の画像診断によって行われている。胃癌に特異性の高い腫瘍マーカーであれば、血清による早期診断が可能になり、単独または従来の方法との組み合わせにより早期胃癌の発見率が向上することが期待される。また、転移マーカーにより、画像診断では検出できない微小転移の存在を予測したり、予後マーカーで治療前に予後を予測したりすることが可能になる。

また、本発明の遺伝子が、胃組織の癌化や悪性度に密接に関連していることから、これらの遺伝子や、それによってコードされる蛋白質は、癌治療の標的分子として有用である。これらの遺伝子や、蛋白質の機能を調節することができる化合物

を見出すことにより、進行癌に有効な抗癌剤を開発することができる。

また本発明により、高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3に特異的に発現している遺伝子が提供された。本発明に基づく遺伝子、ならびにそれがコードするタンパク質は、スキルス胃癌の腹膜播種に密接に関連している。したがって、この遺伝子やタンパク質を患者体液や摘出癌組織に検出するとき、その患者の癌は腹膜播種を起こしやすいものであることが予測できる。すなわち本発明は、スキルス胃癌の悪性度の予測に利用することができる。

一方、本発明の遺伝子、あるいはそれがコードするタンパク質は、癌細胞の腹膜播種において、重要な役割を果たしている可能性が高い。したがって、この遺伝子やタンパク質の機能を阻害することによって腹膜播種を予防、あるいは抑制することができる可能性がある。すなわち本発明は、スキルス胃癌の腹膜播種の予防や治療に有用な化合物のスクリーニングに用いることができる。本発明のタンパク質が胃癌の腹膜播種において重要な役割を果たしていると考えられることから、創薬ターゲットとして重要である。

請求の範囲

1. 下記 (a) から (d) のいずれかに記載のポリヌクレオチド。

(a) 配列番号：1、3、5、7、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、130、132、134、136、138、140、142、144、146、および148に記載された塩基配列のいずれかを含むポリヌクレオチド、

(b) 配列番号：2、4、6、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、131、133、135、137、139、141、143、145、147、および149に記載のアミノ酸配列のいずれかからなるタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(c) 配列番号：2、4、6、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、

131、133、135、137、139、141、143、145、147、および149に記載のいずれかのアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、および／または付加したアミノ酸配列からなり、前記アミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(d) 配列番号：1、3、5、7、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、130、132、134、136、138、140、142、144、146、および148に記載されたいずれかの塩基配列からなるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドによってコードされ、前記塩基配列によってコードされるアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

2. 請求項1に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質の部分ペプチドをコードするポリヌクレオチド。
3. 請求項1、または請求項2に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質、または部分ペプチド。
4. 請求項1、または請求項2に記載のポリヌクレオチドを含むベクター。
5. 請求項1、もしくは請求項2に記載のポリヌクレオチド、または請求項4に記載のベクターを保持する形質転換体。
6. 請求項5に記載の形質転換体を培養し、発現産物を回収する工程を含む、請求項3に記載の蛋白質または部分ペプチドの製造方法。

7. 請求項 1、または請求項 2 に記載のポリヌクレオチド、またはその相補鎖に相補的な塩基配列からなる少なくとも 15 塩基の長さを有するポリヌクレオチド。
8. 請求項 3 に記載の蛋白質または部分ペプチドに対する抗体。
9. 請求項 3 に記載の蛋白質と、請求項 8 に記載の抗体の免疫学的な反応を観察する工程を含む、免疫学的測定方法。
10. 次の工程を含む、請求項 1 に記載のポリヌクレオチドの発現を制御する化合物をスクリーニングする方法。
 - (a) 胃癌細胞に候補化合物を接触させる工程、
 - (b) 請求項 1 に記載の (a) に記載の塩基配列からなる遺伝子の胃癌細胞における発現レベルを、対照と比較する工程、
 - (c) 遺伝子の発現レベルを変化させる候補化合物を選択する工程、
11. 胃癌の発生および／または転移の制御における請求項 10 に記載の方法によって得ることができる化合物の使用。
12. 次の工程を含む、胃癌の検出方法。
 - (a) 生体試料中の請求項 1 に記載のポリヌクレオチドを測定する工程、
 - (b) (a) の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程
13. 次の工程を含む、胃癌の検出方法。
 - (a) 生体試料中の請求項 3 に記載の蛋白質および／または部分ペプチドを測定する工程、
 - (b) (a) の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程

SEQUENCE LISTING

<110> Helix Research Institute

<120> Genes related to stomach cancer

<130> H1-107PCT5

<140>

<141>

<150> JP 1999-248036

<151> 1999-07-29

<150> JP 1999-300253

<151> 1999-08-27

<150> US 60/159590

<151> 1999-10-18

<150> JP 2000-118776

<151> 2000-01-11

<150> US 60/183322

<151> 2000-02-17

<150> JP 2000-183767

<151> 2000-05-02

<150> H1-107DP4

<151> 2000-06-09

<160> 157

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 1672

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (112)..(1410)

<400> 1

gggccacaag gctacagctg ccactgtcgc ctgggtttcc ggccagcgga ggatgatccg 60
caccgtgtg tggacacaga tgagtgccag attgccggtg tggccagca gatgtgtgc 120

2/175

```

aactacgttg gtggcttoga gtgttattgt agcgagggac atgagctgga ggctgatggc 180
atcagctgoa gccctgcagg ggccatgggt gccaggcctt cccaggacct cggagatgag 240
ttgctggatg acggggagga tgaggaagat gaagacgagg cctggaaggo cttcaaoggt 300
ggctggacgg agatgcctgg gatcctgttg atggagccta cgcagccgcc tgactttgcc 360
ctggcctata gaccgagctt cccagaggac agagagccac agatacccta cccggagccc 420
acctggccac ccccgctcag tgcccccagg gtcccttacc actcctcagt gctctccgtc 480
acccggcctg tgggtgtotc tgccacgcac cccacaactgc cttctgccc cagccctcct 540
gtgatccctg ccacacaccc agctttgtcc cgtgaccacc agatccctgt gatcgtagcc 600
aactatccag atctgccttc tgccctacca cccggtatto tctctgtotc tcattcagca 660
cagcctcctg cccaccagcc cccatagatc tcaaccaa atccggagct cttccctgoc 720
caccagtccc ccattgttcc agacaccogg gtccgtggca cccagaccac cactcatttg 780
cctggaatcc caccatacca tgccctctg gtcaccaccc tcggtgccc gctacccctt 840
caagcccccag atgcccctgt cctcagaacc caggccaccc agcttcccat tatcccaact 900
gcccagccct ctctgaccac caccctcagg tcccctgtgt ctccctgoc tcaaatctct 960
gtgctctgtg ccaccagcc cgcagccctc cccaccctcc tgccctctca gagccccact 1020
aaccagacct caccatcag cctacacat cccattcca aagccccca aatcccaagg 1080
gaagatggcc ccagtcocaa gttggccctg tggctgccct caccagctcc cacagcagcc 1140
ccaacagccc tgggggaggc tggctctgoc gagcacagcc agagggatga ccggtggctg 1200
ctggtggcac tctgtgtgcc aacgtgtgtc tttttggtgg tctgtctgc actgggcac 1260
gtgtactgoa cccgtgtgg ccccatgca cccaacaagc gcatactga ctgctatgc 1320
tgggtcatoc atgtgtggag caagagocca acagaaccca tgcccccag gggcagcctc 1380
acaggggtgc agacctgcag aaccagcgtg tgatggggtg cagacccccc tcatggagta 1440
tggggcgctg gacacatggc cggggctgca ccagggaccc atgggggctg cccagctgga 1500
cagatggctt cctgtccccc agggccagcc aggtctctct ctcaaccaact agacttggct 1560
ctcaggaact ctgcttctg gcccagcgt cgtgaccaag gatacacaa agcccttaag 1620
acctcagggg cgggtgtctg ggtcttctc caataaatgg ggtgtcaacc tt 1672

```

<210> 2

<211> 433

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

```

Met Cys Val Asn Tyr Val Gly Gly Phe Glu Cys Tyr Cys Ser Glu Gly
  1              5              10              15
His Glu Leu Glu Ala Asp Gly Ile Ser Cys Ser Pro Ala Gly Ala Met
      20              25              30
Gly Ala Gln Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu Leu Asp Asp Gly
      35              40              45
Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Lys Ala Phe Asn Gly Gly
      50              55              60
Trp Thr Glu Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro Thr Gln Pro Pro
      65              70              75              80
Asp Phe Ala Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu Asp Arg Glu Pro
      85              90              95
Gln Ile Pro Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro Leu Ser Ala Pro
      100              105              110

```

3/175

Arg Val Pro Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr Arg Pro Val Val
 115 120 125
 Val Ser Ala Thr His Pro Thr Leu Pro Ser Ala His Gln Pro Pro Val
 130 135 140
 Ile Pro Ala Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His Gln Ile Pro Val
 145 150 155 160
 Ile Val Ala Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr Gln Pro Gly Ile
 165 170 175
 Leu Ser Val Ser His Ser Ala Gln Pro Pro Ala His Gln Pro Pro Met
 180 185 190
 Ile Ser Thr Lys Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His Gln Ser Pro Met
 195 200 205
 Phe Pro Asp Thr Arg Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr Thr His Leu Pro
 210 215 220
 Gly Ile Pro Pro Asn His Ala Pro Leu Val Thr Thr Leu Gly Ala Gln
 225 230 235 240
 Leu Pro Pro Gln Ala Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Thr Gln Ala Thr
 245 250 255
 Gln Leu Pro Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu Thr Thr Thr Ser
 260 265 270
 Arg Ser Pro Val Ser Pro Ala His Gln Ile Ser Val Pro Ala Ala Thr
 275 280 285
 Gln Pro Ala Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln Ser Pro Thr Asn
 290 295 300
 Gln Thr Ser Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser Lys Ala Pro Gln
 305 310 315 320
 Ile Pro Arg Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala Leu Trp Leu Pro
 325 330 335
 Ser Pro Ala Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly Glu Ala Gly Leu
 340 345 350
 Ala Glu His Ser Gln Arg Asp Asp Arg Trp Leu Leu Val Ala Leu Leu
 355 360 365
 Val Pro Thr Cys Val Phe Leu Val Val Leu Leu Ala Leu Gly Ile Val
 370 375 380
 Tyr Cys Thr Arg Cys Gly Pro His Ala Pro Asn Lys Arg Ile Thr Asp
 385 390 395 400
 Cys Tyr Arg Trp Val Ile His Ala Gly Ser Lys Ser Pro Thr Glu Pro
 405 410 415
 Met Pro Pro Arg Gly Ser Leu Thr Gly Val Gln Thr Cys Arg Thr Ser
 420 425 430
 Val

<210> 3

<211> 1831

<212> DNA

<213> Homo sapiens

4/175

<220>

<221> CDS

<222> (57).. (1700)

<400> 3

```

cagagttgcc cagggaaagc agctatgaca tctacagagt gccagcagt cagagcatgg 60
aggatcgtgg gtacagcccc gacacgcgtg tggccgctt cctcaagggc aagagcatcg 120
ggctgcggct ggccagggggc aatgacgtgg gcattctgt gtccgggggt caggcgggca 180
gcccggccga cgggcagggc atccaggagg gagatcagat tctgcagggt aatgacgtgc 240
cattccagaa cctgacacgg gaggaggcag tgcagtctct gctggggctg ccaccaggcg 300
aggagatgga gctggtgacg cagcggaagc aggacatttt ctggaaaatg gtgcagtccc 360
gcgtgggtga ctcttctac atccgcactc actttgagct ggagcccagt ccgccgtctg 420
gcctgggctt caccggtggc gacgtcttcc acgtgctgga cacgtgcac ccgggccccg 480
ggcagagcca cgcacgagga ggccactggc tggcgggtcg catgggtcgt gacctgggg 540
agcaagagcg gggcatcatt cccaaccaga gcaggcgcca gcagctggcc agcctggaag 600
ctgcccagag ggccgtggga gtcggggccc gctcctccgc gggctccaat gctcggggcg 660
agttctggcg gctgcggggg ctgcgtcgag gagccaagaa gaccactcag cggagccgtg 720
aggacctctc agctctgacc cgcaggggcc gctaccggcc ctacgaacga gtggtgttgc 780
gagaagctac ttcaagcgc ccggtagtga tcctggggacc cgtggccgac attgtatgc 840
agaagttgac tctgagatg cctgaccagt ttgaaatgc agagactgtg tccaggaccg 900
acagccctc caagatcacc aaactagaca ccgtgcgggt gattgcagaa aaagacaagc 960
atgcgtcctt ggtgtgacc ccctccgcca tcgagcgct caactatgt cagtactacc 1020
ccattgtggt cttcttcatc cccgagagcc ggccggccct caaggcactg cggcagtggc 1080
tggcgctctg ctcccgccgc agcaccgctc gcctctacgc acaagcccag aagctgogaa 1140
aacacagcag caacctctt acagccacca tccctctgaa tggcacgagt gacacctgt 1200
accaggagct caaggccatc attcagagc agcagacgag gcccatctgg acggcggaag 1260
atcagctgga tggctcctt gaggacaacc tagacctccc tcaccacggc ctggccgaca 1320
gctccgctga cctcagctgc gacagccgag ttaacagoga ctacgagacg gacggcgagg 1380
gcgggcgcta cacggatggc gagggtaca cagacggcga gggggggccc tacacggatg 1440
tggatgatga gccccggct ccagccctgg ccggtcctc ggagcccgtg caggcagatg 1500
agtcccagag ccgaggggat cgtgggagaa totcggtca tcagggggcc caggtggaca 1560
gccgccacco ccagggacag tggcgacagg acagcatgag aacctatgaa cggaagccc 1620
tgaagaaaaa gtttacgga gtccatgat cggagtctc cgatgaagac ggctatgact 1680
ggggtccggc cactgacctg tgacctctc cgggtgccca gctgtccgt cctccttctc 1740
cttccctggg gctgggactc agtttccat acagaaccca caaccttacc tccctcggcc 1800
tggcttttaa taaacagagt attttcacag c 1831

```

<210> 4

<211> 548

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

```

Met Glu Asp Arg Gly Tyr Ser Pro Asp Thr Arg Val Val Arg Phe Leu
  1             5             10             15
Lys Gly Lys Ser Ile Gly Leu Arg Leu Ala Gly Gly Asn Asp Val Gly

```

20					25					30					
Ile	Phe	Val	Ser	Gly	Val	Gln	Ala	Gly	Ser	Pro	Ala	Asp	Gly	Gln	Gly
35						40						45			
Ile	Gln	Glu	Gly	Asp	Gln	Ile	Leu	Gln	Val	Asn	Asp	Val	Pro	Phe	Gln
50						55						60			
Asn	Leu	Thr	Arg	Glu	Glu	Ala	Val	Gln	Phe	Leu	Leu	Gly	Leu	Pro	Pro
65						70						75			
Gly	Glu	Glu	Met	Glu	Leu	Val	Thr	Gln	Arg	Lys	Gln	Asp	Ile	Phe	Trp
			85						90			95			
Lys	Met	Val	Gln	Ser	Arg	Val	Gly	Asp	Ser	Phe	Tyr	Ile	Arg	Thr	His
100						105						110			
Phe	Glu	Leu	Glu	Pro	Ser	Pro	Pro	Ser	Gly	Leu	Gly	Phe	Thr	Arg	Gly
115						120						125			
Asp	Val	Phe	His	Val	Leu	Asp	Thr	Leu	His	Pro	Gly	Pro	Gly	Gln	Ser
130						135						140			
His	Ala	Arg	Gly	Gly	His	Trp	Leu	Ala	Val	Arg	Met	Gly	Arg	Asp	Leu
145						150						155			
Arg	Glu	Gln	Glu	Arg	Gly	Ile	Ile	Pro	Asn	Gln	Ser	Arg	Ala	Glu	Gln
			165						170			175			
Leu	Ala	Ser	Leu	Glu	Ala	Ala	Gln	Arg	Ala	Val	Gly	Val	Gly	Pro	Gly
180						185						190			
Ser	Ser	Ala	Gly	Ser	Asn	Ala	Arg	Ala	Glu	Phe	Trp	Arg	Leu	Arg	Gly
195						200						205			
Leu	Arg	Arg	Gly	Ala	Lys	Lys	Thr	Thr	Gln	Arg	Ser	Arg	Glu	Asp	Leu
210						215						220			
Ser	Ala	Leu	Thr	Arg	Gln	Gly	Arg	Tyr	Pro	Pro	Tyr	Glu	Arg	Val	Val
225						230						235			
Leu	Arg	Glu	Ala	Ser	Phe	Lys	Arg	Pro	Val	Val	Ile	Leu	Gly	Pro	Val
			245						250			255			
Ala	Asp	Ile	Ala	Met	Gln	Lys	Leu	Thr	Ala	Glu	Met	Pro	Asp	Gln	Phe
			260						265			270			
Glu	Ile	Ala	Glu	Thr	Val	Ser	Arg	Thr	Asp	Ser	Pro	Ser	Lys	Ile	Ile
275						280						285			
Lys	Leu	Asp	Thr	Val	Arg	Val	Ile	Ala	Glu	Lys	Asp	Lys	His	Ala	Leu
290						295						300			
Leu	Asp	Val	Thr	Pro	Ser	Ala	Ile	Glu	Arg	Leu	Asn	Tyr	Val	Gln	Tyr
305						310						315			
Tyr	Pro	Ile	Val	Val	Phe	Phe	Ile	Pro	Glu	Ser	Arg	Pro	Ala	Leu	Lys
			325						330			335			
Ala	Leu	Arg	Gln	Trp	Leu	Ala	Pro	Ala	Ser	Arg	Arg	Ser	Thr	Arg	Arg
			340						345			350			
Leu	Tyr	Ala	Gln	Ala	Gln	Lys	Leu	Arg	Lys	His	Ser	Ser	His	Leu	Phe
355						360						365			
Thr	Ala	Thr	Ile	Pro	Leu	Asn	Gly	Thr	Ser	Asp	Thr	Trp	Tyr	Gln	Glu
370						375						380			
Leu	Lys	Ala	Ile	Ile	Arg	Glu	Gln	Gln	Thr	Arg	Pro	Ile	Trp	Thr	Ala
385						390						395			
Glu	Asp	Gln	Leu	Asp	Gly	Ser	Leu	Glu	Asp	Asn	Leu	Asp	Leu	Pro	His

6/175

405 410 415
 His Gly Leu Ala Asp Ser Ser Ala Asp Leu Ser Cys Asp Ser Arg Val
 420 425 430
 Asn Ser Asp Tyr Glu Thr Asp Gly Glu Gly Gly Ala Tyr Thr Asp Gly
 435 440 445
 Glu Gly Tyr Thr Asp Gly Glu Gly Gly Pro Tyr Thr Asp Val Asp Asp
 450 455 460
 Glu Pro Pro Ala Pro Ala Leu Ala Arg Ser Ser Glu Pro Val Gln Ala
 465 470 475 480
 Asp Glu Ser Gln Ser Pro Arg Asp Arg Gly Arg Ile Ser Ala His Gln
 485 490 495
 Gly Ala Gln Val Asp Ser Arg His Pro Gln Gly Gln Trp Arg Gln Asp
 500 505 510
 Ser Met Arg Thr Tyr Glu Arg Glu Ala Leu Lys Lys Lys Phe Thr Arg
 515 520 525
 Val His Asp Ala Glu Ser Ser Asp Glu Asp Gly Tyr Asp Trp Gly Pro
 530 535 540
 Ala Thr Asp Leu
 545

<210> 5

<211> 1643

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (27).. (1643)

<400> 5

gcaaaaagcg aggcgaacggc ttaaagatgg agaacgaccc ccaggaggcg gagtctgaaa 60
 tggccctgga tgctgagttc ctggacgtgt acaagaactg caacggggtg gtcattgatgt 120
 tcgacattac caagcagttg accttcaatt acattctccg ggagcttcca aaagtgccca 180
 cccacgtgcc agtgtgcgtg ctgggaaact accgggacat gggcgagcac cgagtcattc 240
 tgccggacga cgtgcgtgac ttcattcgaca acctggacag acctccaggt tcctctact 300
 tccgctatgc tgagtcttcc atgaagaaca gcttcggcct aaagtacctt cataagttct 360
 tcaatatccc atttttgacg cttcagaggg agacgctgtt goggoagotg gagacgaaco 420
 agctggacat ggacgocacg ctggaggagc tgcgggtgca gcaggagacg gaggaccaga 480
 actacggcat ctctctggag atgatggagg ctgcagccg tggccatgcg tccccactgg 540
 cggccaacgg gcagagccca tccccgggct cccagtcacc agtgggtgct gcaggcgctg 600
 tgtccacggg gagctgcagc ccoggoacac ccagcccgcc cccacagctg cccctcaatg 660
 ccgccccacc atcctctgtg cccctgttac caccctcaga ggccctgccc ccacctgcgt 720
 gccctcagc ccccgcccca cggcgacgca tcattcttag gctgtttggg acgtcacctg 780
 ccaccgaggc agccctcca cctccagagc cagtcocggc cgcacagggc ccagcaacgg 840
 tccagagtgt ggaggacttt gttcctgacg accgcctgga ccgcagcttc ctggaagaca 900
 caacccccgc caggagcagag aagaaggtgg gggccaaggc tgcccagcag gacagcgaca 960
 gtgatgggga ggccctgggc ggcaaccoga tgggtgcagg gttccaggac gatgtggacc 1020

7/175

```

tcgaagacca gccacgtggg agtccccgc tgcctgcagg ccccgcccc agtcaagaca 1080
tcactctttc gaggtaggag gaagcagaag tggcagctcc cacaaaaggc cctgccccag 1140
ctccccagca gtgctcagag ccagagacca agtggtcctc cataccagct tcgaagccac 1200
ggagggggac agtccccacg aggaccgcag cccccccctg gccaggcggg gtctctgttc 1260
gcacagggtc ggagaagcgc agcagcacca ggccccctgc tgagatggag ccggggaagg 1320
gtgagcaggc ctctcgtcg gagagtgacc ccgagggacc cattgctgca caaatgctgt 1380
ccttcgtcat ggatgacccc gactttgagg gcgagggatc agacacacag cgcaggggcg 1440
atgactttcc cgtgcgagat gaccctcccg atgtgactga cgaggatgag ggccctgccg 1500
agccgcccc accccccaag ctccctctcc ccgccttcag actgaagaat gactcggacc 1560
tcttcgggtt ggggtgggag gaggcgggac ccaaggagag cagtgaggaa ggtaaggagg 1620
gcaaaacccc ctctaaggag aag                                     1643

```

<210> 6

<211> 539

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

```

Met Glu Asn Asp Pro Gln Glu Ala Glu Ser Glu Met Ala Leu Asp Ala
 1           5           10           15
Glu Phe Leu Asp Val Tyr Lys Asn Cys Asn Gly Val Val Met Met Phe
 20           25           30
Asp Ile Thr Lys Gln Trp Thr Phe Asn Tyr Ile Leu Arg Glu Leu Pro
 35           40           45
Lys Val Pro Thr His Val Pro Val Cys Val Leu Gly Asn Tyr Arg Asp
 50           55           60
Met Gly Glu His Arg Val Ile Leu Pro Asp Asp Val Arg Asp Phe Ile
 65           70           75           80
Asp Asn Leu Asp Arg Pro Pro Gly Ser Ser Tyr Phe Arg Tyr Ala Glu
 85           90           95
Ser Ser Met Lys Asn Ser Phe Gly Leu Lys Tyr Leu His Lys Phe Phe
100          105          110
Asn Ile Pro Phe Leu Gln Leu Gln Arg Glu Thr Leu Leu Arg Gln Leu
115          120          125
Glu Thr Asn Gln Leu Asp Met Asp Ala Thr Leu Glu Glu Leu Ser Val
130          135          140
Gln Gln Glu Thr Glu Asp Gln Asn Tyr Gly Ile Phe Leu Glu Met Met
145          150          155          160
Glu Ala Arg Ser Arg Gly His Ala Ser Pro Leu Ala Ala Asn Gly Gln
165          170          175
Ser Pro Ser Pro Gly Ser Gln Ser Pro Val Val Pro Ala Gly Ala Val
180          185          190
Ser Thr Gly Ser Cys Ser Pro Gly Thr Pro Gln Pro Ala Pro Gln Leu
195          200          205
Pro Leu Asn Ala Ala Pro Pro Ser Ser Val Pro Pro Val Pro Pro Ser
210          215          220
Glu Ala Leu Pro Pro Pro Ala Cys Pro Ser Ala Pro Ala Pro Arg Arg

```

8/175

225					230					235				240
Ser	Ile	Ile	Ser	Arg	Leu	Phe	Gly	Thr	Ser	Pro	Ala	Thr	Glu	Ala
				245					250					255
Pro	Pro	Pro	Pro	Glu	Pro	Val	Pro	Ala	Ala	Gln	Gly	Pro	Ala	Thr
			260					265						270
Gln	Ser	Val	Glu	Asp	Phe	Val	Pro	Asp	Asp	Arg	Leu	Asp	Arg	Ser
		275					280					285		Phe
Leu	Glu	Asp	Thr	Thr	Pro	Ala	Arg	Asp	Glu	Lys	Lys	Val	Gly	Ala
	290					295					300			Lys
Ala	Ala	Gln	Gln	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Gly	Glu	Ala	Leu	Gly	Gly
305					310					315				320
Pro	Met	Val	Ala	Gly	Phe	Gln	Asp	Asp	Val	Asp	Leu	Glu	Asp	Gln
				325					330					335
Arg	Gly	Ser	Pro	Pro	Leu	Pro	Ala	Gly	Pro	Val	Pro	Ser	Gln	Asp
			340					345					350	Ile
Thr	Leu	Ser	Ser	Glu	Glu	Glu	Ala	Glu	Val	Ala	Ala	Pro	Thr	Lys
	355						360					365		Gly
Pro	Ala	Pro	Ala	Pro	Gln	Gln	Cys	Ser	Glu	Pro	Glu	Thr	Lys	Trp
	370					375					380			Ser
Ser	Ile	Pro	Ala	Ser	Lys	Pro	Arg	Arg	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Arg
385					390					395				400
Ala	Ala	Pro	Pro	Trp	Pro	Gly	Gly	Val	Ser	Val	Arg	Thr	Gly	Pro
				405					410					415
Lys	Arg	Ser	Ser	Thr	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Met	Glu	Pro	Gly	Lys
		420						425				430		Gly
Glu	Gln	Ala	Ser	Ser	Ser	Glu	Ser	Asp	Pro	Glu	Gly	Pro	Ile	Ala
	435						440				445			Ala
Gln	Met	Leu	Ser	Phe	Val	Met	Asp	Asp	Pro	Asp	Phe	Glu	Gly	Glu
	450					455				460				Gly
Ser	Asp	Thr	Gln	Arg	Arg	Ala	Asp	Asp	Phe	Pro	Val	Arg	Asp	Asp
465					470				475					480
Ser	Asp	Val	Thr	Asp	Glu	Asp	Glu	Gly	Pro	Ala	Glu	Pro	Pro	Pro
				485					490				495	
Pro	Lys	Leu	Pro	Leu	Pro	Ala	Phe	Arg	Leu	Lys	Asn	Asp	Ser	Asp
		500						505				510		Leu
Phe	Gly	Leu	Gly	Leu	Glu	Glu	Ala	Gly	Pro	Lys	Glu	Ser	Ser	Glu
	515						520				525			Glu
Gly	Lys	Glu	Gly	Lys	Thr	Pro	Ser	Lys	Glu	Lys				
	530					535								

<210> 7

<211> 1673

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 7

aatcatgtta gattttotga gagtgaatac acctgcatc tacaaattac aaggotggat 60

9/175

```

aacagctcac tccatttgaa attcagtgga aacccaagag ctaggttctt actgaatttg 120
catotcaatt tgggaaactg aacttagctt tcaaagatca taggaagtct ggttgagaa 180
actagggatt attctggcaa tgggtgcagg aagggtgtca gaataacca gtcgccattg 240
gttttgagaa acggaactat cttatgcaga gcccgaggag caagtctcag acccatgggt 300
tgaagccatg gagaaggaaa tttggatcca atgtaatgaa gcgctttcta agtcagaatt 360
tccctgcaat ggtgtggcct gattcaataa aaattaagaa taataaatat aatggaaaaa 420
aatctccact gattgagtgt ttacttgggt ccaagcacta tgctaagttg ttcattattt 480
tatttaattg ttacagcaat tttgagtatg catctttcac tattttataa gtggaaaaga 540
gaagtgcgcc caaaaagtta gagctcaaac agcagcttat tctaccagcc cctgctcttg 600
cggaggcctc tggaaaagac ctgaatgaca cctattggag aatcacatct acaaggggct 660
tcaaacagac caaatagatc atcacctctg tggcccttg ttaactatat gttctgagac 720
aaaggaaaag taccctaagg gttagttaac ctttgcctgag gaaatttaca ttcatactta 780
gagtgaatta ctcaggtgtg cttaggtgtg caaaaggga ggagacctga attcaccaag 840
ttaaatcttg ctaaacctta tcataagcat ttttgagcg cttagcatac accaagcctt 900
gtggaagggt ctttccctgc atatctcatt taatctcac agcaaaccta tagaatatgg 960
cattatcgtc tgagtctcac agaagtttag tctgtactc aaggtcttac cagctagtga 1020
acagcagacc aagactggaa acccaggata gtctgatacc tgagccatct cttctgtgc 1080
tacgcctagt tattctgtcc cccaaatcaa aaggcatgac ctttataaga ggcgctttac 1140
tgacaatagc tgcaatttta actttgaaaa tgattcagaa ttatcaaaga tagtagattc 1200
gaatgacatg attgtctata atctcgtag ccttgtactg tgtgtgata gcaattacag 1260
ggaagtaatc tagctcctga ctattatgtc gaactatgtc gctgctttt acaaacttgt 1320
cttgatccaa agcagtcaca atgataacco tgcatactg ggaatcataa gtcaactatg 1380
tatccctgtg tgtgtatata tatgtatgta tgtatctatt ttcaaactgt gatttaatat 1440
ttaaatattc ctactgccat ttttgtgact gaaaaactac acatgaggaa acgtcttaga 1500
attttccaat agaggaaaaa taacacttgg gcaatctgtc atgtttcaca acagttctca 1560
tttttctcat gatttgtgta gcgtggaatg tgttgtctca atgtgaaggg ttttcattgc 1620
tcaatttctc tgtgtaagtc ttttccttaa gtaataaac catcagcaaa gtc 1673

```

<210> 8

<211> 1712

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (485).. (1249)

<400> 8

```

ctcacgcagc caacatggct ccagtggagc acgttgtggc ggatgctggg gotttctgc 60
ggcatgcggc tctgcaggac atcggaaga acatttacac catccgggag gtggtcactg 120
agattcggga caaggccaca cgcaggcggc tcgtgtcct gccctacgag ctgcggttca 180
aggagccctt accggaatac gtgcggctgg tgactgagtt ttoaaagaaa acaggagact 240
acccagcctt ctctgccacg gacatccaag tgttgcactc acataccagt tggaagcaga 300
gtttgttggg gtgtctcacc taaaacaaga accacagaag gttaagggtg gctcatcgat 360
tcagcaccga gaaacacctc tgcacatttc tggtttccat ctgccctaca agcctaaacc 420
cccacaagaa acagaaaaag gacactcagc ttgtgagcct gagaacctgg aatttagttc 480
cttcatgttc tggagaaacc ctttgcccaa catgatcat gaactgcagg agctgctgat 540

```

10/175

```

tgacagaggt gaggacgttc caagtgagga ggaggaggag gaagaaaacg ggtttgaaga 600
cagaaaagat gacagcgatg acgacggggg tggctggata acccccagta acatcaagca 660
gatccagcag gagctggagc agtgtgacgt ccccgaggac gtgogggttg gotgootgac 720
cacagacttc gccatgcaga atgtttgtct gcagatgggg ctgcacgtgc tggcgggtgaa 780
cggcatgctg attcgtgagg cccggagcta catcttgccg tgccatggct gtttcaagac 840
aacgtctgac atgagcagag tgtttgtctc aactgtggg aacaagacco tgaagaaagt 900
gtccgtgacc gtcagcgacg acggcaccct gcacatgcac ttctcccgca accccaaggt 960
gctgaacccc cgcggcctcc ggtactgct tcccactccc aaagggggca aatacgccat 1020
caacccccat ctcaccgagg atcagcgctt cctcagctg cgactctccc aaaaggccag 1080
gcagaaaacc aacgtgttcg cccctgacta catcgccggg gtgtcacctt ttgtogagaa 1140
tgacatctcc agccgtcag ctaccctgca ggtccgggac agcaccttgg gagctgggag 1200
gagacgotta aatcccaacg cttccagaaa gaagtttgtg aagaaaaggt gaagagcgag 1260
ttcccgaggg caaatggat gggcgtctgg ccgccgtgga gttccgggtg cccatttccc 1320
cagccgtgtc gttccagga ccaccgatg gaaataacag gcgggcttca cggtgoggct 1380
ctgtccgccc atgccccgct ggtctgcag ggaactggac tgtcccatgg cctgtgagca 1440
ccggagcgcc tggctgcctg ccaaggaagt gcaattgcat aaaaacagaa agaacaacgc 1500
cctggagcca atcttcaaga aaggaatttc caaaggataa tatttttcta ataatgagg 1560
ctgcaacctc ctgtgcattt aattaaatag gccaaatttt tgcgtcttag gtcactctaa 1620
ggctgatact tgagctgtgt gccagagat catgcattta gatttatatt tttgccagaa 1680
aatacaaggt tataataaaa ctaagaacta cc 1712

```

<210> 9

<211> 255

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

```

Met Phe Trp Arg Asn Pro Leu Pro Asn Ile Asp His Glu Leu Gln Glu
  1             5             10             15
Leu Leu Ile Asp Arg Gly Glu Asp Val Pro Ser Glu Glu Glu Glu
      20             25             30
Glu Glu Asn Gly Phe Glu Asp Arg Lys Asp Asp Ser Asp Asp Gly
      35             40             45
Gly Gly Trp Ile Thr Pro Ser Asn Ile Lys Gln Ile Gln Gln Glu Leu
      50             55             60
Glu Gln Cys Asp Val Pro Glu Asp Val Arg Val Gly Cys Leu Thr Thr
      65             70             75             80
Asp Phe Ala Met Gln Asn Val Leu Leu Gln Met Gly Leu His Val Leu
      85             90             95
Ala Val Asn Gly Met Leu Ile Arg Glu Ala Arg Ser Tyr Ile Leu Arg
      100            105            110
Cys His Gly Cys Phe Lys Thr Thr Ser Asp Met Ser Arg Val Phe Cys
      115            120            125
Ser His Cys Gly Asn Lys Thr Leu Lys Lys Val Ser Val Thr Val Ser
      130            135            140
Asp Asp Gly Thr Leu His Met His Phe Ser Arg Asn Pro Lys Val Leu
      145            150            155            160

```

11/175

Asn Pro Arg Gly Leu Arg Tyr Ser Leu Pro Thr Pro Lys Gly Gly Lys
 165 170 175
 Tyr Ala Ile Asn Pro His Leu Thr Glu Asp Gln Arg Phe Pro Gln Leu
 180 185 190
 Arg Leu Ser Gln Lys Ala Arg Gln Lys Thr Asn Val Phe Ala Pro Asp
 195 200 205
 Tyr Ile Ala Gly Val Ser Pro Phe Val Glu Asn Asp Ile Ser Ser Arg
 210 215 220
 Ser Ala Thr Leu Gln Val Arg Asp Ser Thr Leu Gly Ala Gly Arg Arg
 225 230 235 240
 Arg Leu Asn Pro Asn Ala Ser Arg Lys Lys Phe Val Lys Lys Arg
 245 250 255

<210> 10
 <211> 1993
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (13).. (981)

<400> 10

ccagattacc tgatgcagct gatgaacgac aagaagctca tgagcagcct gcccaacttc 60
 tgogggatct tcaaccacct cgagcggctg ctggacgaag aaattagcag agtacggaaa 120
 gacatgtaca atgacacatt aaatggcagt acagagaaaa ggagtgcaga attgctgat 180
 gctgtgggac ctattgttca gttacaagag aaactttatg tgctgtataa agaataccca 240
 gattttaatt ttgttgggag aatccttggc cctagaggac ttacagccaa acaacttgaa 300
 gcagaaaacc gatgtaaaat catggtccga ggcaaaggct caatgaggga taaaaaaaag 360
 gaggagcaaa atagaggcaa gcccaattgg gagcatctaa atgaagattt acatgtacta 420
 atcactgttg aagatgctca gaacagagca gaaatcaaat tgaagagagc agttgaagaa 480
 gtgaagaat tattggtacc tgcagcagaa ggagaagaca gcctgaagaa gatgcagctg 540
 atggagcttg cgattctgaa tggcacctac agagatgcca acattaaatc accagccctt 600
 gccctttctc ttgcagcaac agcccaggct gctccaagga tcattactgg gcctgcgccg 660
 gttctccac cagctgccct gcgtactcct acgccagctg gccctaccat aatgcctttg 720
 atcagacaaa tacagaccgc tgtcatgoca aacggaaact ctoacccaac tgcctgcaata 780
 gttcctccag ggcccgaagc tggtttaatc tatacacctt atgagtaccg ctacacattg 840
 gcaccagcta catcaatcct tgagtatcct attgaaccta gtggtgtatt aggtgcggtg 900
 gctactaaag ttcgaaggca cgatatgcgt gtccatcctt accaaaggat tgtgaccgca 960
 gaccgagccg ccaccggcaa ctaacctatg acctctgac ctctgaactc ttaacccaat 1020
 gatgacctga ccatgcctgc ctgctgatca gtttaactgg aatgcctttt gcttgcctgt 1080
 cgtcagtga cgcagctgag gcacttgtcc gttcgtctta ccataaacc aaacaaaaga 1140
 caaagaaatt ttgtctctcc aactoaagctt tttttttttt tttttctgtt ttgggtgaaa 1200
 gtggttctag aaatgcact gaatagtagt aaagcaataa ggccaattc atcccacagc 1260
 actgatcatc ttttaatatc ccaccctaag cgaacggtaa gaaggcctct ctaagaagg 1320
 ggagacagat ggtccttaac tactcaatga cagaggcagt tactgtgaga gacttctagg 1380
 aatcttttct ttctcatagc gaagtcaaag ctctctctga atgtactgtg tgatgatgca 1440

12/175

```

tcattgcatga accttcgggc agggatatca ttggtgaagt gatttcaaaa agtattcaaa 1500
atttgatatg ctgttttagtc actacagtgc cctcaaaggg cagaagttgc agcctttttt 1560
atattgcctg ccaaaatttg aagtattaga agaaagtgtg ccatgagaga aaaacttaag 1620
gagttttgaa aagtaatgoa aataacaaaa ctgcaacaact atttttaaaa agataaatat 1680
ctgagttaaa attactgaat ctttatttta cacctaaaaa aatatgagaa caaggtacat 1740
gcattatgtg tcacattact gggcaaaactg ttcaagtatt tttttttaaa cctccctgta 1800
tagaaaaaaa tcattaagga tgtaaaagcc atgcttgcc atttgotgta tacatgtaat 1860
gaaattgtag ataaagtgtg gtgcattgaa acaaatgaac aaaaagtaga tacttttact 1920
atacaagggt gctggtgcag aaaaaaatat atatatattt ggaaatgtag cattttatac 1980
tttcaagtgt tat 1993

```

<210> 11

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 11

```

Met Gln Leu Met Asn Asp Lys Lys Leu Met Ser Ser Leu Pro Asn Phe
  1          5          10          15
Cys Gly Ile Phe Asn His Leu Glu Arg Leu Leu Asp Glu Glu Ile Ser
      20          25          30
Arg Val Arg Lys Asp Met Tyr Asn Asp Thr Leu Asn Gly Ser Thr Glu
      35          40          45
Lys Arg Ser Ala Glu Leu Pro Asp Ala Val Gly Pro Ile Val Gln Leu
      50          55          60
Gln Glu Lys Leu Tyr Val Pro Val Lys Glu Tyr Pro Asp Phe Asn Phe
      65          70          75          80
Val Gly Arg Ile Leu Gly Pro Arg Gly Leu Thr Ala Lys Gln Leu Glu
      85          90          95
Ala Glu Thr Gly Cys Lys Ile Met Val Arg Gly Lys Gly Ser Met Arg
      100          105          110
Asp Lys Lys Lys Glu Glu Gln Asn Arg Gly Lys Pro Asn Trp Glu His
      115          120          125
Leu Asn Glu Asp Leu His Val Leu Ile Thr Val Glu Asp Ala Gln Asn
      130          135          140
Arg Ala Glu Ile Lys Leu Lys Arg Ala Val Glu Val Lys Lys Leu
      145          150          155          160
Leu Val Pro Ala Ala Glu Gly Glu Asp Ser Leu Lys Lys Met Gln Leu
      165          170          175
Met Glu Leu Ala Ile Leu Asn Gly Thr Tyr Arg Asp Ala Asn Ile Lys
      180          185          190
Ser Pro Ala Leu Ala Phe Ser Leu Ala Ala Thr Ala Gln Ala Ala Pro
      195          200          205
Arg Ile Ile Thr Gly Pro Ala Pro Val Leu Pro Pro Ala Ala Leu Arg
      210          215          220
Thr Pro Thr Pro Ala Gly Pro Thr Ile Met Pro Leu Ile Arg Gln Ile
      225          230          235          240

```

13/175

Gln Thr Ala Val Met Pro Asn Gly Thr Pro His Pro Thr Ala Ala Ile
 245 250 255
 Val Pro Pro Gly Pro Glu Ala Gly Leu Ile Tyr Thr Pro Tyr Glu Tyr
 260 265 270
 Pro Tyr Thr Leu Ala Pro Ala Thr Ser Ile Leu Glu Tyr Pro Ile Glu
 275 280 285
 Pro Ser Gly Val Leu Gly Ala Val Ala Thr Lys Val Arg Arg His Asp
 290 295 300
 Met Arg Val His Pro Tyr Gln Arg Ile Val Thr Ala Asp Arg Ala Ala
 305 310 315 320
 Thr Gly Asn

<210> 12
 <211> 1570
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (101).. (1147)

<400> 12
 acgatttgaa cgctctgact tgcagotcct ctggaccgag gagcccaaag ccctaccctc 60
 accattcacc aggttacagt tcttatccac gtgaatacac atggctctgt tacgaaaaat 120
 taatcaggtg ctgctgttcc ttctgatcgt gacctctgt gtgattctgt ataagaaagt 180
 tcataagggg actgtgocca agaattgacac agatgatgaa tccgagactc ctgaagaact 240
 ggaagaagag attcctgtgg tgatttgtgc tgcagcaggg aggatgggtg ccactatggc 300
 tgccatcaat agcttctaca gcaacactga cgccaacatc ttgttctatg tagtgggact 360
 ccggaatact ctgactcgaa tacgaaaatg gattgaacat tccaaaactga gagaaataaa 420
 ctttaaaatc gtggaattca accgatggt cctcaaaggg aagatcagac cagactcatc 480
 gaggcctgaa ttgtctcagc ctctgaactt tgttcgattt tatctccctc tacttatcca 540
 ccaacacgag aaagtcactt atttggacga tgatgtaatt gtacaagggt atatccaaga 600
 actgtatgac accaccttgg ccttgggcca cgogggcggt ttctcagatg actgcgattt 660
 gccctctgct caggacataa acagactcgt gggacttcag aacacatata tgggctatct 720
 ggactaccgg aagaaggcca tcaaggacct tggcatcagc ccagcacct gctctttcga 780
 tcctgggtgtg attgttgcca acatgacaga atggaagcac cagcgatca ccaagcaatt 840
 ggagaaatgg atgcaaaaga atgtggagga aaacctctat agcagctccc tgggaggagg 900
 ggtggccacc tcccgaatgc tgatttgttt tcatgggaaa tattccaca ttaacccct 960
 gtggcacata aggcacctgg gctggaatcc agatgccaga tattcggagc attttctgca 1020
 ggaagctaaa ttactccact ggaatggaag acataaacct tgggacttcc ctagtgttca 1080
 caacgactta tgggaaagct ggtttgttcc tgacctgca gggatattta aactcaatca 1140
 ccatagctga tataactcta ccttaaaat attccctgta tagaaatgtg gaattgtccc 1200
 ttgttagcca actataacat tgtcttttat gaatattacc ttgatacat atgatccaca 1260
 atataaaaaa caaaaactac tgtgtgcaaa ttataccttg gaccatatag gcattgatta 1320
 acttctttaa gtacatgtga taactatgga aatcaagatt atgtgactga aaaacataaa 1380
 ggaagagacc catctagata acagcaatca acctgcttaa ttctgaatga caattatata 1440

14/175

cacaaatttt taaaactttt acatgtattt ttacatgaa gatctcotta acaggttgcc 1500
 aaccttttct ttataaaaac tattacattt aaaatatgga cgtctgaaaa ataaaatatt 1560
 catcattttt 1570

<210> 13
 <211> 349
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 13

Met	Ala	Leu	Leu	Arg	Lys	Ile	Asn	Gln	Val	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu	Ile
1				5					10					15	
Val	Thr	Leu	Cys	Val	Ile	Leu	Tyr	Lys	Lys	Val	His	Lys	Gly	Thr	Val
			20					25					30		
Pro	Lys	Asn	Asp	Thr	Asp	Asp	Glu	Ser	Glu	Thr	Pro	Glu	Glu	Leu	Glu
		35					40					45			
Glu	Glu	Ile	Pro	Val	Val	Ile	Cys	Ala	Ala	Ala	Gly	Arg	Met	Gly	Ala
	50					55					60				
Thr	Met	Ala	Ala	Ile	Asn	Ser	Phe	Tyr	Ser	Asn	Thr	Asp	Ala	Asn	Ile
65					70					75				80	
Leu	Phe	Tyr	Val	Val	Gly	Leu	Arg	Asn	Thr	Leu	Thr	Arg	Ile	Arg	Lys
			85						90					95	
Trp	Ile	Glu	His	Ser	Lys	Leu	Arg	Glu	Ile	Asn	Phe	Lys	Ile	Val	Glu
			100					105					110		
Phe	Asn	Pro	Met	Val	Leu	Lys	Gly	Lys	Ile	Arg	Pro	Asp	Ser	Ser	Arg
	115						120					125			
Pro	Glu	Leu	Leu	Gln	Pro	Leu	Asn	Phe	Val	Arg	Phe	Tyr	Leu	Pro	Leu
	130					135					140				
Leu	Ile	His	Gln	His	Glu	Lys	Val	Ile	Tyr	Leu	Asp	Asp	Asp	Val	Ile
145					150					155				160	
Val	Gln	Gly	Asp	Ile	Gln	Glu	Leu	Tyr	Asp	Thr	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly
			165						170					175	
His	Ala	Ala	Ala	Phe	Ser	Asp	Asp	Cys	Asp	Leu	Pro	Ser	Ala	Gln	Asp
			180					185					190		
Ile	Asn	Arg	Leu	Val	Gly	Leu	Gln	Asn	Thr	Tyr	Met	Gly	Tyr	Leu	Asp
	195						200					205			
Tyr	Arg	Lys	Lys	Ala	Ile	Lys	Asp	Leu	Gly	Ile	Ser	Pro	Ser	Thr	Cys
	210					215					220				
Ser	Phe	Asp	Pro	Gly	Val	Ile	Val	Ala	Asn	Met	Thr	Glu	Trp	Lys	His
225					230					235				240	
Gln	Arg	Ile	Thr	Lys	Gln	Leu	Glu	Lys	Trp	Met	Gln	Lys	Asn	Val	Glu
			245						250				255		
Glu	Asn	Leu	Tyr	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Gly	Gly	Val	Ala	Thr	Ser	Pro
	260							265				270			
Met	Leu	Ile	Val	Phe	His	Gly	Lys	Tyr	Ser	Thr	Ile	Asn	Pro	Leu	Trp
	275						280					285			
His	Ile	Arg	His	Leu	Gly	Trp	Asn	Pro	Asp	Ala	Arg	Tyr	Ser	Glu	His

15/175

290		295		300											
Phe	Leu	Gln	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	His	Trp	Asn	Gly	Arg	His	Lys	Pro
305				310					315						320
Trp	Asp	Phe	Pro	Ser	Val	His	Asn	Asp	Leu	Trp	Glu	Ser	Trp	Phe	Val
			325					330						335	
Pro	Asp	Pro	Ala	Gly	Ile	Phe	Lys	Leu	Asn	His	His	Ser			
		340						345							

<210> 14
 <211> 1962
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (213).. (938)

<400> 14
 agtgcgcac cggacgtagg aggtggaggt tgtggaattc gccgttcgaa agcagggact 60
 aaaagcccca attcgtctta cgttcgaaa ggaaggcgtc tgttgagcct ttctctcagt 120
 cgtgagggag gcgtcgacgg cgtgoggaag tcctgagttg aggccttcgg gatcctttcc 180
 ggagaaagcg caggctaaag ccgcaggiga agatgtccaa ctacgtgaac gacatgtggc 240
 cgggctcgcc gcaggagaag gattogccct cgacctogcg gtccggcggg tccagccggc 300
 tgtcgtcgcg gtctaggagc cgtcttttt ccagaagctc tcgggtccat tcccgctct 360
 cgagccggtt ttctgtccagg agtcggagga gcaagtccag gtcccgttc cgaaggcgcc 420
 accagcggaa gtacaggcgc tactcgoggt cactactcgc gacccggtc cgatcccga 480
 gccgccgtta ccgagagagg cgtacgggt tcaccaggag atactaccg tctccttcgc 540
 ggtaccggtc ccggtcccg agcaggtcgc gctctcggg aaggtcgtac tgcggaagg 600
 ggtacgogt ccgcccggga cagcgtact acggcttgg tcgcacagt taccggagg 660
 agcacagcag atggagggag agatccagga cgaggtcgc gacgagaacc cctttcgt 720
 taagtgaata agatcgaatg gagctgttag aaatagcaaa aaccaatgca gcgaaagtc 780
 taggaacaac caacattgac ttgccagcta gtctcagaac tgttccttca gccaaagaa 840
 caagccgtgg aatagggtga tcaagtaatg gtgcaagcc tgaagtaagt attctaggt 900
 gtctggaaca aaactttcag aaagccaact gtcaaatctg attagccact tatatcttag 960
 actatacttt ttgggaagtc tagagatgta tataatgtgc taaattcaaa gtagcaaatc 1020
 tgaagatagg caatgtcaaa ccoatgaaaa tgggagatta atgagctta tttggcgtg 1080
 catggtgcct catgcctgta atgaggcaga tggctttagt ccaggagttc aagactagcc 1140
 tgggcaatgt ggcaaaaccg cgtgtttaca aaaaatacaa aaattagcca ggcattgttg 1200
 tgcattgcct tagtcccagc tgtttgggag gctgaggcag gaggatctt gaccctagga 1260
 tgctaagggt gcagtggacc aagatggcac ctttgcaact tagcctgggc agcagagcga 1320
 gaccctgtct caaaaaatc atttttttt ttcatcttca gtttaacagt tactcttata 1380
 acaccgttat tagctggtac tttggtgatt totattacta gtttttctaa gctatttata 1440
 gagtgtttgt agctttcatt tgcagcatta gtgtccaca aattctgtac tcagcatata 1500
 cagtatagtt tatctgctct atttctgtct tatagaaatc atgaatgtgg tctgcagaca 1560
 ttgatgaaga aaatctgttg gtaattgata catgggctaa agcatcagag gtttaatttg 1620
 aagtttatgt tcacacactg aaaacttagt tttttgttg gtagatccat gtgcatgcta 1680
 gaatttggga caggcaactat ttgcataaag tattaaagtc aattttttaa ctaagcaag 1740

16/175

gtacacgttg taacgggtggg gcatctgtga aaaagatgtc cctttcataa tatatgcaat 1800
 atattccaga tgttttgaga gattacagaa gaggaggcct gcttcacttg cagataagtt 1860
 tattataatt ctccagaaat gtgcaggatg tgcattagca aattgcactg tacttttcaac 1920
 tccagcctgg gtgacagagc aagactccccg tctcgggggc tt 1962

<210> 15

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Met	Ser	Asn	Tyr	Val	Asn	Asp	Met	Trp	Pro	Gly	Ser	Pro	Gln	Glu	Lys
1				5					10					15	
Asp	Ser	Pro	Ser	Thr	Ser	Arg	Ser	Gly	Gly	Ser	Ser	Arg	Leu	Ser	Ser
		20						25					30		
Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Phe	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Ser	His	Ser	Arg
		35					40					45			
Val	Ser	Ser	Arg	Phe	Ser	Ser	Arg	Ser	Arg	Arg	Ser	Lys	Ser	Arg	Ser
	50					55				60					
Arg	Ser	Arg	Arg	Arg	His	Gln	Arg	Lys	Tyr	Arg	Arg	Tyr	Ser	Arg	Ser
	65				70				75					80	
Tyr	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Arg	Tyr	Arg	Glu	Arg
			85					90					95		
Arg	Tyr	Gly	Phe	Thr	Arg	Arg	Tyr	Tyr	Arg	Ser	Pro	Ser	Arg	Tyr	Arg
		100						105					110		
Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Gly	Arg	Ser	Tyr	Cys	Gly
		115				120						125			
Arg	Ala	Tyr	Ala	Ile	Ala	Arg	Gly	Gln	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Phe	Gly	Arg
	130				135					140					
Thr	Val	Tyr	Pro	Glu	Glu	His	Ser	Arg	Trp	Arg	Asp	Arg	Ser	Arg	Thr
	145				150					155				160	
Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Thr	Pro	Phe	Arg	Leu	Ser	Glu	Lys	Asp	Arg	Met
			165					170					175		
Glu	Leu	Leu	Glu	Ile	Ala	Lys	Thr	Asn	Ala	Ala	Lys	Ala	Leu	Gly	Thr
		180						185					190		
Thr	Asn	Ile	Asp	Leu	Pro	Ala	Ser	Leu	Arg	Thr	Val	Pro	Ser	Ala	Lys
	195						200					205			
Glu	Thr	Ser	Arg	Gly	Ile	Gly	Val	Ser	Ser	Asn	Gly	Ala	Lys	Pro	Glu
	210				215					220					
Val	Ser	Ile	Leu	Gly	Leu	Ser	Glu	Gln	Asn	Phe	Gln	Lys	Ala	Asn	Cys
	225				230					235				240	
Gln	Ile														

<210> 16

<211> 3553

17/175

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1699).. (2994)

<400> 16

```
aggggCGGGC gCGCGctgc atcccatcc tcgtcgtcgc cgggcacagc gCGagcgggc 60
gagCGGCGCG gCGGCGCGga gCGCGaggc cgggccatgg ccaccaccag caccacgggc 120
tccaccctgc tgcagccct cagcaacgcc gtgcagctgc ccacgcacca ggtcaacttt 180
gtagtgtgcc aactctttgc cttgctagca gccatttggc ttCGaaotta tctacatto 240
agcaaaacta gctcttttat aagacatgta gttgctaccc ttttgggcct ttatcttgca 300
cttttttgct ttggatggtg tgccttacac tttcttgta aaagtggat ttctactgt 360
atcatgatca tcataggagt ggagaacatg cacaattact gctttgtgt gatgaatccc 420
ctaattgatt tggtaaaaat cattaagtt aggtggatac acatcttgct atatgatcaa 480
atggttttgc gaaaaatcaa taatcagaca acaagatgtg cgaactgat attttacacg 540
actctcttta ccaattctgc ccgaattac acttaaaacg actcaacagc ttaacgttgg 600
cttgccacgc attacttgac tgtaaaactc tcactcttac cgaacttggc cgtaacctgc 660
caaccaaagc gagaacaaaa cataacatca aacgaatcga ccgattgtta ggtaatcgtc 720
acctccacaa agagcgactc gctgtatacc gttggcatgc tagctttatc tgttcgggca 780
atacgaatgc cattgtactt gttgactggt ctgatattcg tgagcaaaaa cgaattatgg 840
tattgcgagc ttcagtcgca ctacacggct gttctgttac tctttatgag aaagcgttcc 900
cgotttcaga gcaatgttca aagaaagctc atgaccaatt tctagccgac cttgcgagca 960
ttotaccgag taacaccaca ccgctcatgt tcagtgtatg tggctttaa gtgccatggt 1020
ataaatccgt tgagaagctg ggttggtaact ggttaagtgc agtaagagga aaagtacaat 1080
atgcagacct aggagcggaa aactggaaac ctatcagcaa cttacatgat atgtcatcta 1140
gtcactcaaa gacttttagc tataagaggc tgactaaaag caatccaatc tcatgccaaa 1200
ttctattgta taaatctcgc tctaaaggcc gaaaaaatca cgcctcgaca cggactcatt 1260
gtcaccaccc gtcacctaaa atctactcag cgtcggcaaa ggagccatgg gttctagcaa 1320
ctaacttacc tgttgaaatt cgaacaccca aacaacttgt taatatctat tcgaagcgaa 1380
tgcagattga agaaacctc cgagacttga aaagtcotgc ctacggacta ggcctacgcc 1440
atagccgaac gagcagctca gagcgttttg atatcatgct gctaatoGCC ctgatgcttc 1500
aactaacatg ttggcttgcc ggcgttcctg ctCagaaaca aggttgggac aagcacttcc 1560
aggctaacac agtcagaaat cgaacgtac tctcaacagt tgccttaggc atggaagttt 1620
tgCGGcattc tggctacaca ataacaaggg aagacttact cgtggctgca accctactag 1680
ctcaaaattt attcacacat ggttacgott tggggaaatt atgaggggat ctctcagtgc 1740
tttgigtgtg ctctgggata cctcacagtG tGCCaagita ctCagicta tatctttgac 1800
tatggacaat attctgtgta ttttcaggc ccaatgatga tcattactca gaagatcaat 1860
agtttggctt gCGaaattca tgatgggatg tttCGgaagg atgaagaact gacttctca 1920
cagagggatt tagctgtaag gCGcatGCC agcttactgg agtatttgag ttacaactgt 1980
aacttcatgg ggatcctggc agGCCaatt tgcctttaca aagaactaat tacttttoatt 2040
gaaggcagat cataccatat cacacaatct ggtgaaaatg gaaaagaaga gacacagtat 2100
gaaagaacag agccatctcc aaatactgcg gttgttcaga agctcttagt ttgtgggctg 2160
tccttgttat ttcacttgac catctgtaca acattacctg tggagtacaa cattgatgag 2220
cattttcaag ctacagcttc gtggccaaca aagattatct atctgtatat ctctcttttg 2280
gctgccagac ccaaatacta ttttgcatgg acgctagctg atgccattaa taatgctgca 2340
ggctttggtt tcagagggtg tgacgaaat ggagcagctc gctgggactt aatttccaat 2400
```

18/175

```

ttgagaattc aacaaataga gatgtcaaca agtttcaaga tgtttcttga taattggaat 2460
attcagacag ctctttggct caaaagggtg tgttatgaac gaacctcctt cagtccaact 2520
atccagacgt tcattctctc tgccatttgg cacggggtat acccaggata ttatctaacg 2580
tttctaacag ggggtttaat gacattagca gcaagagcta tgagaaataa ctttagacat 2640
tatttcattg aaccttccca actgaaatta ttttatgatg ttataacatg gatagtaact 2700
caagtagcaa taagttacac agttgtgcca tttgtgcttc tttctataaa accatcactc 2760
acgttttaca gctcctggta ttattgootg cacattcttg gtatcttagt attattgttg 2820
ttgccagtga aaaaaactoa aagaagaaag aatacacatg aaaacattca gctctacaa 2880
tccagaaagt ttgatgaagg agaaaattct ttgggacaga acagttttcc tacaacaaac 2940
aatgtttgca atcagaatca agaaatagcc tcgagacatt catcactaaa gcagtgatcg 3000
ggaaggctct gagggctgtt ttttttttg atgttaacag aaaccaatct tagcaccttt 3060
tcaaggggtt tgagtttgtt ggaaaagcag ttaactgggg ggaaatggac agttatagat 3120
aaggaatttc ctgtacacca gattggaaat ggagtgaac aagccctccc atgccatgtc 3180
ccogtgggcc acgccttatg taagaatatt tccatatttc agtgggcaact cccaacctca 3240
gcacttgtcc gtagggtcac acgcgtgccc tgttgotgaa tgtatgttgc gtatcccaag 3300
gcactgaaga ggtggaaaaa taatcgtgtc aatctggatg atagagagaa attaaacttt 3360
ccaaatgaat gtcttgctt aaacctcta tttcctaaaa tattgttctt aaatgggtatt 3420
ttcaagtgtg atattgtgag aacgctactg cagtagttga tgttgtgtgc tgtaaaggat 3480
tttaggagga atttgaacaa ggatatitaa gagtgtggat atttttaaaa tgcaataaac 3540
atctcagtat ttg                                     3553

```

<210> 17

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

```

Met Val Thr Leu Trp Gly Asn Tyr Glu Gly Ile Ser Gln Cys Phe Val
  1           5           10          15
Phe Ala Leu Gly Tyr Leu Thr Val Cys Gln Val Thr Arg Val Tyr Ile
      20           25           30
Phe Asp Tyr Gly Gln Tyr Ser Ala Asp Phe Ser Gly Pro Met Met Ile
      35           40           45
Ile Thr Gln Lys Ile Thr Ser Leu Ala Cys Glu Ile His Asp Gly Met
      50           55           60
Phe Arg Lys Asp Glu Glu Leu Thr Ser Ser Gln Arg Asp Leu Ala Val
      65           70           75           80
Arg Arg Met Pro Ser Leu Leu Glu Tyr Leu Ser Tyr Asn Cys Asn Phe
      85           90           95
Met Gly Ile Leu Ala Gly Pro Leu Cys Ser Tyr Lys Asp Tyr Ile Thr
      100          105          110
Phe Ile Glu Gly Arg Ser Tyr His Ile Thr Gln Ser Gly Glu Asn Gly
      115          120          125
Lys Glu Glu Thr Gln Tyr Glu Arg Thr Glu Pro Ser Pro Asn Thr Ala
      130          135          140
Val Val Gln Lys Leu Leu Val Cys Gly Leu Ser Leu Leu Phe His Leu
      145          150          155          160

```

19/175

Thr Ile Cys Thr Thr Leu Pro Val Glu Tyr Asn Ile Asp Glu His Phe
 165 170 175
 Gln Ala Thr Ala Ser Trp Pro Thr Lys Ile Ile Tyr Leu Tyr Ile Ser
 180 185 190
 Leu Leu Ala Ala Arg Pro Lys Tyr Tyr Phe Ala Trp Thr Leu Ala Asp
 195 200 205
 Ala Ile Asn Asn Ala Ala Gly Phe Gly Phe Arg Gly Tyr Asp Glu Asn
 210 215 220
 Gly Ala Ala Arg Trp Asp Leu Ile Ser Asn Leu Arg Ile Gln Gln Ile
 225 230 235 240
 Glu Met Ser Thr Ser Phe Lys Met Phe Leu Asp Asn Trp Asn Ile Gln
 245 250 255
 Thr Ala Leu Trp Leu Lys Arg Val Cys Tyr Glu Arg Thr Ser Phe Ser
 260 265 270
 Pro Thr Ile Gln Thr Phe Ile Leu Ser Ala Ile Trp His Gly Val Tyr
 275 280 285
 Pro Gly Tyr Tyr Leu Thr Phe Leu Thr Gly Val Leu Met Thr Leu Ala
 290 295 300
 Ala Arg Ala Met Arg Asn Asn Phe Arg His Tyr Phe Ile Glu Pro Ser
 305 310 315 320
 Gln Leu Lys Leu Phe Tyr Asp Val Ile Thr Trp Ile Val Thr Gln Val
 325 330 335
 Ala Ile Ser Tyr Thr Val Val Pro Phe Val Leu Leu Ser Ile Lys Pro
 340 345 350
 Ser Leu Thr Phe Tyr Ser Ser Trp Tyr Tyr Cys Leu His Ile Leu Gly
 355 360 365
 Ile Leu Val Leu Leu Leu Leu Pro Val Lys Lys Thr Gln Arg Arg Lys
 370 375 380
 Asn Thr His Glu Asn Ile Gln Leu Ser Gln Ser Arg Lys Phe Asp Glu
 385 390 395 400
 Gly Glu Asn Ser Leu Gly Gln Asn Ser Phe Ser Thr Thr Asn Asn Val
 405 410 415
 Cys Asn Gln Asn Gln Glu Ile Ala Ser Arg His Ser Ser Leu Lys Gln
 420 425 430

<210> 18

<211> 1031

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102).. (734)

<400> 18

gggttgagcg ggaggcgga tcggtccggt cgggtggtcc ccgcggcggg gccgggcccg 60
 atctcgggag ggaaccgagc gcagagccgg tagcgggaag gatgaccacg ctacacagac 120

20/175

```

aagacctcaa ctttggccaa gtggtggcgg atgtgtctctg cgagttcctg gaggtggctg 180
tgcattctcat cctctacgtg cgcgaggtct acccgtggg catcttcag aaacgcaaga 240
agtacaacgt gccggtccag atgtcctgcc acccggagct gaatcagtat atccaggaca 300
cgctgcaactg cgtcaagcca ctcttgaga agaattgatgt ggagaaagtg gtggtggtga 360
ttttggataa agagcaccgc ccagtggaga aattcgtctt tgagatcacc cagcctccac 420
tgctgtccat cagctcagac tcgtgttgt ctcatgtgga gcagctgtc ogggccttca 480
tcctgaagat cagcgtgtgc gatgcgtgc tggaccacaa cccccaggo tgtacottca 540
cagtcctggt gcacacgaga gaagccgcca ctgcgaacat ggagaagatc caggtcatca 600
aggatttccc ctggatcctg gcggatgagc aggatgtcca catgcatgac ccccggtga 660
taccactaaa aacctgacg tcggacattt taaagatga gctttaoctg gaagagcgcg 720
ctcataaagg cagctgaggg ggcacctgcc accccactga tgcccaaaact gtcagacttt 780
gggggatccc cgcctagggc agtgtgtgat ggtgcccctg attccaagt ctcttatcgc 840
ctctgtgtgt ggatcggccg ccccgcccg gggccgctca ggtctgttg gaggatgcct 900
cccccaggag ggcagtgagg gatgcgcaa cctcgacttc tcagcctcct ggggttccgc 960
cggccaacac tgtctgtctc aaatactgtg ctgtgagttg tttcaataaa ggggccccaa 1020
gggctgggct g 1031

```

<210> 19

<211> 211

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

```

Met Thr Thr Leu Thr Arg Gln Asp Leu Asn Phe Gly Gln Val Val Ala
 1          5          10          15
Asp Val Leu Cys Glu Phe Leu Glu Val Ala Val His Leu Ile Leu Tyr
 20          25          30
Val Arg Glu Val Tyr Pro Val Gly Ile Phe Gln Lys Arg Lys Lys Tyr
 35          40          45
Asn Val Pro Val Gln Met Ser Cys His Pro Glu Leu Asn Gln Tyr Ile
 50          55          60
Gln Asp Thr Leu His Cys Val Lys Pro Leu Leu Glu Lys Asn Asp Val
 65          70          75          80
Glu Lys Val Val Val Ile Leu Asp Lys Glu His Arg Pro Val Glu
 85          90          95
Lys Phe Val Phe Glu Ile Thr Gln Pro Pro Leu Leu Ser Ile Ser Ser
100          105          110
Asp Ser Leu Leu Ser His Val Glu Gln Leu Leu Arg Ala Phe Ile Leu
115          120          125
Lys Ile Ser Val Cys Asp Ala Val Leu Asp His Asn Pro Pro Gly Cys
130          135          140
Thr Phe Thr Val Leu Val His Thr Arg Glu Ala Ala Thr Arg Asn Met
145          150          155          160
Glu Lys Ile Gln Val Ile Lys Asp Phe Pro Trp Ile Leu Ala Asp Glu
165          170          175
Gln Asp Val His Met His Asp Pro Arg Leu Ile Pro Leu Lys Thr Met
180          185          190

```

21/175

Thr Ser Asp Ile Leu Lys Met Gln Leu Tyr Val Glu Glu Arg Ala His
 195 200 205
 Lys Gly Ser
 210

<210> 20
 <211> 2869
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (569).. (2170)

<400> 20

cacgaagcag ggaaagggat ctggtaaaac ctaaataatga cotggataga acagatccat 60
 tagaaaataa ttatactcca gtctcttogg tacctagtagt ttcactctggc cactaccctg 120
 tacctacttt gagcagcaact attacagtaa ttgtctctac tcatcatgga aacaacacta 180
 ccgaaagtgt gtctgaattt catgaagacc aagtggacca taactcttac gtaagaccac 240
 ccatgccaaa gaaacgggtg agagactatg atgaaaaggg tttttgtatg agaggagaca 300
 tgtgtccttt tgatcatgga agtgatccag tagttgtaga agatgtgaat ctccctggta 360
 tgctgccttt cccagcacag cctcctgttg ttgaaggacc acctcctcct ggactcccc 420
 caccctccac aattottaca cccccacctg tgaatctcag gccccagta ccaccgccag 480
 gtccattgcc acccagtcct ccacctgtta cagatgatat ttcttattct ttggttttga 540
 caggaccacc acctccactt ccagacctat gtatagacac agagtgcag cacaaaggcc 600
 caacttgata ggactaacat caggggatat ggatttgcca cccagagaaa agcctcccaa 660
 taaaagcagt atgaggatag tagtggactc agaatoaagg aaaagaacca ttggttctgg 720
 agagcctgga gttcctacaa agaagacttg gtttgataaa ccaaatttta atagaacaaa 780
 cagcccaggc ttccagaaga aggttcaatt tggaaatgaa aataccaagc ttgaacttag 840
 aaaagtctct ccagaattaa ataatatcag caaacttaat gaacatttta gtcgatttgg 900
 aaccttgggt aacttacagg ttgcttataa tggatgcct gaagggtgcc taatccaatt 960
 tgcacatac gaagaagcaa agaaagcaat atcaagtacg gaagcagtagt taaacaatcg 1020
 ctttattaag gtttattggc acagagaagg aagcaoccaa cagttacaaa ctacttctcc 1080
 aaagccttta gtccagcagc ccattttgcc tgtgtgaag cagtcagtc aagagcggct 1140
 ggtccagta cttcaagta ctattgaacc tgcagaagcc cagagtgcct cttcagacct 1200
 tctcagggtg ttgtctacat ctactggcct aacaaaaaca gtgtataatc cagctgcttt 1260
 gaaggotgca caggaaacct tacttgttcc cactctgca gttgataata atgaagcaca 1320
 gaaaaaaaa caggaggcat tgaaacttca gcaggatgta aggaaaagga aacaagaaat 1380
 tttagaaaag cacattgaaa cacagaagat gtttaatttca aaactggaga aaaacaaaac 1440
 aatgaagtct gaagataaag cagaataaat gaaaacttta gaggttttga caaaaaatat 1500
 taccaagtig aaagatgagg tcaaagotgc ttctcctgga cgtgtcttc caaaaagtat 1560
 aaaaaccaag actcagatgc agaaggaatt acttgacaca gaactggatt tatataagaa 1620
 gatgcaggct ggagaagaag tcaactgaact taggagaaag tatacagaat tacagctgga 1680
 agctgccaaa cgagggtatc ttctatctgg tggggcaga ggaattcatt caagaggtcg 1740
 aggtgcagtt catggccgag gcagggggcg agggcgaggg cgaggtgtgc ctggtcatgc 1800
 tgtgtgggat caccgtccca gggcattgga gatttctgca ttacgggga gcgatagaga 1860
 agatottctt cctcatttgc cgcaatatgg tgaattgaa gattgtcaga ttgatgattc 1920

22/175

```

ctcacttcat gcagtaatta cattcaagac aagagcagaa gctgaagcag ctgcagttca 1980
tggagctcgt ttcaaagggc aagatctaaa actggcatgg aataaaccag taactaatat 2040
ttcagctgtt gaaacagaag aagttgagcc tgatgaagaa gaatttcagg aagagtcttt 2100
ggtggatgac tcattacttc aagatgatga tgaagaagaa gaggacaatg aatctcgttc 2160
ttggagaaga tgatttgact gatcattgat ctgcatatgc tagaactcta cctgtgtttc 2220
attagtatta tctaattgtac ttttacatat ttgtaaaaac aatttttggg aaaatgtgat 2280
gaagatggat ttcacaaata gacaaaaaag aagaaaaacta ccttctgato ttgtattttg 2340
aaagattgat gtttgcatth tacttcagta aacaattgct aaagacatca cactagaaac 2400
atatgcaatg tttttattac ataactctac tggacatcac agaattcttt gggttctttg 2460
taatttaatg aataggtctg aaaacttatg accaataactt gttataactt agaggacttt 2520
gttttattoc aaataaggaa tgaatttgca tttaaaatct taatgaatgt ttcaaaaact 2580
gaatagataa catagtactc taactaaagt ctccaagtta tgtattataa tattacatag 2640
tagtatgott aggcctttact atgtattagc cttttgttgg actgtgtatg tattttacca 2700
tatgggtttt aatgataatg gtgtatgact gctttacatg agtcottatg catccagatg 2760
ttataataaa gtggaatggg ctcttttaaaa aaaaaaaagg aaagaaaaga gaaaagcaat 2820
gacaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagcca agacaatgtt ccttgattt 2869

```

<210> 21

<211> 534

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

```

Met Tyr Arg His Arg Val His Ala Gln Arg Pro Asn Leu Ile Gly Leu
 1           5           10           15
Thr Ser Gly Asp Met Asp Leu Pro Pro Arg Glu Lys Pro Pro Asn Lys
      20           25           30
Ser Ser Met Arg Ile Val Val Asp Ser Glu Ser Arg Lys Arg Thr Ile
      35           40           45
Gly Ser Gly Glu Pro Gly Val Pro Thr Lys Lys Thr Trp Phe Asp Lys
 50           55           60
Pro Asn Phe Asn Arg Thr Asn Ser Pro Gly Phe Gln Lys Lys Val Gln
 65           70           75           80
Phe Gly Asn Glu Asn Thr Lys Leu Glu Leu Arg Lys Val Pro Pro Glu
      85           90           95
Leu Asn Asn Ile Ser Lys Leu Asn Glu His Phe Ser Arg Phe Gly Thr
    100           105           110
Leu Val Asn Leu Gln Val Ala Tyr Asn Gly Asp Pro Glu Gly Ala Leu
    115           120           125
Ile Gln Phe Ala Thr Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Ala Ile Ser Ser Thr
    130           135           140
Glu Ala Val Leu Asn Asn Arg Phe Ile Lys Val Tyr Trp His Arg Glu
    145           150           155           160
Gly Ser Thr Gln Gln Leu Gln Thr Thr Ser Pro Lys Pro Leu Val Gln
      165           170           175
Gln Pro Ile Leu Pro Val Val Lys Gln Ser Val Lys Glu Arg Leu Gly
    180           185           190

```

23/175

Pro Val Pro Ser Ser Thr Ile Glu Pro Ala Glu Ala Gln Ser Ala Ser
 195 200 205
 Ser Asp Leu Pro Gln Val Leu Ser Thr Ser Thr Gly Leu Thr Lys Thr
 210 215 220
 Val Tyr Asn Pro Ala Ala Leu Lys Ala Ala Gln Glu Thr Leu Leu Val
 225 230 235 240
 Ser Thr Ser Ala Val Asp Asn Asn Glu Ala Gln Lys Lys Lys Gln Glu
 245 250 255
 Ala Leu Lys Leu Gln Gln Asp Val Arg Lys Arg Lys Gln Glu Ile Leu
 260 265 270
 Glu Lys His Ile Glu Thr Gln Lys Met Leu Ile Ser Lys Leu Glu Lys
 275 280 285
 Asn Lys Thr Met Lys Ser Glu Asp Lys Ala Glu Ile Met Lys Thr Leu
 290 295 300
 Glu Val Leu Thr Lys Asn Ile Thr Lys Leu Lys Asp Glu Val Lys Ala
 305 310 315 320
 Ala Ser Pro Gly Arg Cys Leu Pro Lys Ser Ile Lys Thr Lys Thr Gln
 325 330 335
 Met Gln Lys Glu Leu Leu Asp Thr Glu Leu Asp Leu Tyr Lys Lys Met
 340 345 350
 Gln Ala Gly Glu Glu Val Thr Glu Leu Arg Arg Lys Tyr Thr Glu Leu
 355 360 365
 Gln Leu Glu Ala Ala Lys Arg Gly Ile Leu Ser Ser Gly Arg Gly Arg
 370 375 380
 Gly Ile His Ser Arg Gly Arg Gly Ala Val His Gly Arg Gly Arg Gly
 385 390 395 400
 Arg Gly Arg Gly Arg Gly Val Pro Gly His Ala Val Val Asp His Arg
 405 410 415
 Pro Arg Ala Leu Glu Ile Ser Ala Phe Thr Gly Ser Asp Arg Glu Asp
 420 425 430
 Leu Leu Pro His Phe Ala Gln Tyr Gly Glu Ile Glu Asp Cys Gln Ile
 435 440 445
 Asp Asp Ser Ser Leu His Ala Val Ile Thr Phe Lys Thr Arg Ala Glu
 450 455 460
 Ala Glu Ala Ala Ala Val His Gly Ala Arg Phe Lys Gly Gln Asp Leu
 465 470 475 480
 Lys Leu Ala Trp Asn Lys Pro Val Thr Asn Ile Ser Ala Val Glu Thr
 485 490 495
 Glu Glu Val Glu Pro Asp Glu Glu Glu Phe Gln Glu Glu Ser Leu Val
 500 505 510
 Asp Asp Ser Leu Leu Gln Asp Asp Glu Glu Glu Glu Asp Asn Glu
 515 520 525
 Ser Arg Ser Trp Arg Arg
 530

<210> 22

<211> 1876

24/175

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (302).. (1243)

<400> 22

```
gaaggaagcc cccagcccct tccaggccct gttctcagat atcccgccca ggtacccgtt 60
ccaagccctg ccaccgcaact acgggaggcc ctaccotttc ctgctgcagc ccacggccgc 120
cgccgacgcg gacggcttgg cccctgatgt gccgtccccg gctgatgggc ccgagcgcc 180
ggcaactctca cccgaagaca agcccatccg ettgtccccc tccaagatca cagagccgct 240
gcgggaggggc cgggaggaag aaccgctggc tgagcgggag gtgaaggcag aggtggagga 300
catggacgag ggccccacag agctgccgcc tctggagtcg ccgtgccac tgcccgccgc 360
ggaagccatg gctaccccca gccctgcagg gggttgtgga ggtggcctgt tggaggccca 420
ggcgctgagt gccaccgggc agagctgcgc agagccctct gactgtccag actttgtgga 480
ggggcctgaa ccacgggtgg attccccggg ccggacagaa ccctgcaccg ccgccctgga 540
cctgggggtg cagctgacac ccgagacact ggccgaggcc aaggaggagc cgttggaggt 600
gcctgtggcg gtgcccgttg tggaggcagt gcccgaggaa ggccgtggcg aggtggcacc 660
gagcgagtcc cagcccaccc tagaaatgtc agactgtgac gtgcccgcgc gggaggggaca 720
gtgcccagagc ctggagcccc aagaggccgt gcctgtactc ggcagcacct gcttcctgga 780
agaggcaagc tctgaccagt tccctgccag tctggaggac ccactggctg gcatgagcgc 840
cctggcgcca gctgcggagc tgccccaggc caggccctct ccctccccgg gtgctgctgg 900
agcccaggcc ttggagaagc tggaagcagc cgagagcctt gtcttggagc agagcttcct 960
gcatggcato accctgctaa gtgagatcgc agagctggag ctggagagga ggagcccacc 1020
ccaaggccctc ccaccgtgca tgggacaggg cagcccgatg ccagctggcc tacctgactg 1080
tgccaggggc cctgccccca cctctcagg atggcctaga cttggggaac agagccgggt 1140
ggggttgcag ccggagtgt ctgtcaaagg caccagggtg agaggggccg gcacaggccc 1200
accctggtcc aaacctcac actacagaaa accccaatgg tctgaaact gtcgcccggc 1260
caogcctggc cctccccac ccaggaggga ggtggcactt cttaacctgt acagttttat 1320
tgtaccaaga gactgcccc gccctgtat cataagcctt taaatggagt caacttttta 1380
attatatata taaagataaa tatatatata tatatatata aacttttta aactgtgaaa 1440
aatagctatg aaattataaa aaaaaaacat tctgacgtgc agaataattat tttttatitc 1500
ctgttagatt atagtgtcta gcaccggctt caccggcctc ccagtcacca gcacaccccc 1560
cgccaccccc gccaaagtga ctgtactcac ccccaggat agagaagtgt ttgttaggga 1620
gagaagaggg agaggcagga gccggcccaa gcccagggtc cctgcttggg ccccagaaag 1680
cacttaacca ggccccaaag cttcaaggga aaccaaggcc tcaaccagac aatcttgagg 1740
gaaggaaaag ccagactttg ggtttgtttt ttgggggaat tatitggttt ttttttttat 1800
gtttcttttg gaattttgt tgttggcaaa ttctgtgtga tottttttca taaaaaaaaa 1860
gaaaagattt aattgg                                     1876
```

<210> 23
<211> 314
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 23

25/175

Met Asp Glu Gly Pro Thr Glu Leu Pro Pro Leu Glu Ser Pro Leu Pro
 1 5 10 15
 Leu Pro Ala Ala Glu Ala Met Ala Thr Pro Ser Pro Ala Gly Gly Cys
 20 25 30
 Gly Gly Gly Leu Leu Glu Ala Gln Ala Leu Ser Ala Thr Gly Gln Ser
 35 40 45
 Cys Ala Glu Pro Ser Glu Cys Pro Asp Phe Val Glu Gly Pro Glu Pro
 50 55 60
 Arg Val Asp Ser Pro Gly Arg Thr Glu Pro Cys Thr Ala Ala Leu Asp
 65 70 75 80
 Leu Gly Val Gln Leu Thr Pro Glu Thr Leu Ala Glu Ala Lys Glu Glu
 85 90 95
 Pro Val Glu Val Pro Val Ala Val Pro Val Val Glu Ala Val Pro Glu
 100 105 110
 Glu Gly Leu Ala Gln Val Ala Pro Ser Glu Ser Gln Pro Thr Leu Glu
 115 120 125
 Met Ser Asp Cys Asp Val Pro Ala Gly Glu Gly Gln Cys Pro Ser Leu
 130 135 140
 Glu Pro Gln Glu Ala Val Pro Val Leu Gly Ser Thr Cys Phe Leu Glu
 145 150 155 160
 Glu Ala Ser Ser Asp Gln Phe Leu Pro Ser Leu Glu Asp Pro Leu Ala
 165 170 175
 Gly Met Ser Ala Leu Ala Ala Ala Glu Leu Pro Gln Ala Arg Pro
 180 185 190
 Leu Pro Ser Pro Gly Ala Ala Gly Ala Gln Ala Leu Glu Lys Leu Glu
 195 200 205
 Ala Ala Glu Ser Leu Val Leu Glu Gln Ser Phe Leu His Gly Ile Thr
 210 215 220
 Leu Leu Ser Glu Ile Ala Glu Leu Glu Leu Glu Arg Arg Ser Pro Pro
 225 230 235 240
 Gln Gly Leu Pro Pro Cys Met Gly Gln Gly Ser Pro Met Pro Ala Gly
 245 250 255
 Leu Pro Asp Cys Ala Arg Gly Pro Ala Pro Thr Leu Ser Gly Trp Pro
 260 265 270
 Arg Leu Gly Glu Gln Ser Arg Val Gly Leu Gln Pro Gly Val Ser Val
 275 280 285
 Lys Gly Thr Arg Trp Arg Gly Pro Gly Thr Gly Pro Pro Trp Ser Lys
 290 295 300
 Pro Ser His Tyr Arg Lys Pro Gln Trp Cys
 305 310

<210> 24

<211> 1907

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

26/175

<221> CDS

<222> (446).. (1087)

<400> 24

```

ataagggaaa aaaactccat taaaaagccc agctttcctc catgttagat gtgacttgga 60
aaatgagaaa gatttagcaa aattccaccg tgtcttttgc caggctagag acagggagag 120
cagagtaaaa ccctcaggct gctgaaattt ctaggctgtt aggaagcccc tcgaattctg 180
tgaaaatgag ggtttcttaa ctcacactga gagcggaag gggcagacco ttttcataac 240
tccctcaagt gtgtgttacc tttctttacc agcatggtaa gcaacaggac atatcccagc 300
ctcggacatg totgtatgat ccaaggatcc caaagtcaga cagagtaaac tcaagcctgg 360
cactggcttt ctgcgccttc atgtgctttg gaaaaagcag gagaagcaat agcagcagga 420
gtccccagca gotggagccg caagaatgaa ctgcaaagag ggaactgaca gcagctgogg 480
ctgcaggggc aacgcagaga agaagatgtt gaagtgtgtg gtggtggggg acggtgccgt 540
ggggaaaacc tgctgtctga tgagctacgc caacgcagcc ttcccagagg aatacgtgcc 600
cactgtgttt gaccaactatg cagttactgt gaactgtggga ggcaagcaac acttgctcgg 660
actgtatgac accgcgggac aggaggacta caaccagctg aggccactct cctaccccaa 720
cacggatgtg tttttgatct gcttctctgt cgtaaaccct gcctcttacc acaatgtcca 780
ggaggaatgg gtccccgagc tcaaggactg catgcctcac gtgccttatg tctcatagg 840
gaccagatt gatctccgtg atgacccaaa aacottggcc cgtttgctgt atatgaaaga 900
gaaacctctc acttaacgagc atggtgtgaa gctogcaaaa gcgatcggag cacagtgtca 960
cttggaatgt tcagctctga ctcagaaagg tctcaaagcg gtttttgatg aagcaatcct 1020
caccattttc caccccaaga aaaagaagaa acgctgttct gaggttcaca gctgctgttc 1080
aattatctga ggttgtctgg gacctgcctc caccocatcc agggataga atggcagcca 1140
atctctgtgg ccaagctcca gccaaaaagg agggcacgac cagaaaaggaa ctccctttgc 1200
acggaggctt gcccatcac cctctgagcc ctoccaacac agcacactag tcagcccaact 1260
gccacgacct ccctgccagc cagaagcatc cgtactgcac gctgtctgag aatgctgggc 1320
ctggattgca gacagtgccg ctgctgatcg catcaaaaac aaagtcaaag gccatctcac 1380
attttaciaa tccccagctc atgaacgtga agctgatagg aaatcacccc agggaaacccg 1440
aaaaagaaac ttgattcctc tattgtgtgc cttacttgat gtcttttata aaacttggga 1500
ctacaatact aacctttttt tctgaatctg ctgttctacc catgtgtctc acattcattt 1560
gtattatttc aagaaatgta ctaatttcca gttcactcag gccttactaa tccataccaa 1620
attagcctaa agacaaggca ttttatattc atttctattt toagcatgtt tctaccaaag 1680
ctattagaac caacacgtac ctctgaatgc cagattataa gaagacatga gaagacttta 1740
aaagtttttg aaatttacag agccatgatt ttgaaacctt attgaaagaa aaccatctga 1800
attgttgcag gtccacattt ttgccaaaga tacactctat agatgcttag tagtggcctg 1860
atttttttcc atgtattgcc acgacaaact aaaaatgaac tgtgtttt 1907

```

<210> 25

<211> 214

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

```

Met Asn Cys Lys Glu Gly Thr Asp Ser Ser Cys Gly Cys Arg Gly Asn
  1             5             10             15
Asp Glu Lys Lys Met Leu Lys Cys Val Val Val Gly Asp Gly Ala Val
          20             25             30

```

27/175

Gly Lys Thr Cys Leu Leu Met Ser Tyr Ala Asn Asp Ala Phe Pro Glu
 35 40 45
 Glu Tyr Val Pro Thr Val Phe Asp His Tyr Ala Val Thr Val Thr Val
 50 55 60
 Gly Gly Lys Gln His Leu Leu Tyr Asp Thr Ala Gly Gln Glu
 65 70 75 80
 Asp Tyr Asn Gln Leu Arg Pro Leu Ser Tyr Pro Asn Thr Asp Val Phe
 85 90 95
 Leu Ile Cys Phe Ser Val Val Asn Pro Ala Ser Tyr His Asn Val Gln
 100 105 110
 Glu Glu Trp Val Pro Glu Leu Lys Asp Cys Met Pro His Val Pro Tyr
 115 120 125
 Val Leu Ile Gly Thr Gln Ile Asp Leu Arg Asp Asp Pro Lys Thr Leu
 130 135 140
 Ala Arg Leu Leu Tyr Met Lys Glu Lys Pro Leu Thr Tyr Glu His Gly
 145 150 155 160
 Val Lys Leu Ala Lys Ala Ile Gly Ala Gln Cys Tyr Leu Glu Cys Ser
 165 170 175
 Ala Leu Thr Gln Lys Gly Leu Lys Ala Val Phe Asp Glu Ala Ile Leu
 180 185 190
 Thr Ile Phe His Pro Lys Lys Lys Lys Arg Cys Ser Glu Gly His
 195 200 205
 Ser Cys Cys Ser Ile Ile
 210

<210> 26
 <211> 4869
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (150).. (4082)

<400> 26
 aatgatttcc tcagtgatta cgtacagagc gaggccctgc gggtagggg cccctctgg 60
 agccatcctg atggcttgg gggccttgc tccattttcc attattatgt ggactaccgg 120
 agcgacagcg cagtccaaga cttgcagga tgtctcgccg caagcaagcg aaaccgagat 180
 cctcaaaaga cccaactgt aaactgaag acaagactga agatggagag gcactagatt 240
 gtaagaagag gccggaagac ggggaggagt tggaagacga agctgtgcac agctgtgaca 300
 gctgcctcca ggtgtttgaa tcgtgagcg atatcacaga acacaagatt aatcaatgtc 360
 aactgacaga tggagtggat gttgaagatg atccgacttg ctcttgcca gcttctcac 420
 ctcttagcaa ggatcagaact tcccctagcc atggagaagg ttgcgatttt ggagaggaag 480
 aagggtggccc tgggttoca taccctgtgc aattctgtga caagtcgttt agcgcctca 540
 gotacctaaa gcaccatgag cagagtcaca gtgacaaact gccttcaaa tgcacctact 600
 gcagtaggct gttcaaacac aagcgagcc gagatcgcca cataaaact cacaccggg 660
 acaagaagta ccactgcagt gaatgtgat ctgcgttttc cagaagtgat cacttgaaga 720

tccacttaaa gactcacacg tccaacaagc catataaatg tgccatttgt cgccgtgggt 780
ttctgtcctc tagttcctta caccgacaca tgcaggttca tgagaggaac aaggacggct 840
ctcagtcagg ttccaggatg gaggactgga agatgaagga cactcagaag tgcagtcagt 900
gtgaggaagg ctttgacttc ccggaagacc tccaaaaaca cattgcagag tgccaccccg 960
aatgctcccc aatgaggac cgagcggccc tccagtgtgt ctactgccac gagctottcg 1020
tagaggagac ctccctcatg aaccacatgg agcagggtgca tagcggggag aagaagaact 1080
catgcagcat ttgttctgag agtttccaca cagttgagga actgtacagc cacatggaca 1140
gtcaccagca accggagtca tgcaatcaca gcaacagccc ttccctggtc acggtgggct 1200
atacctccgt gtccagtacg actccagatt ccaacctctc agtggacagc tcaaccatgg 1260
tggaagctgc ccgcgaatc ccaaagagtc gaggaggaa gagggccgt caacaaacc 1320
ctgacatgac tggctccctcg agtaaacaag caaaagtac ctacagctgt atttactgca 1380
acaaacaatt attttcaagt cttgcagttc tgcagattca cctgaaaact atgcacttag 1440
ataagccaga acaggcccat atttgtcagt attgcttgga ggtcctgccc tcaactctata 1500
aocataatga acatcttaag caagtgcagc aagctcagga ccaggtctg attgtttctg 1560
ccatgcctgc cattgtctac cagtgttaot tctgttccga agttgtcaac gacctcaaca 1620
ctottcagga acacatccga tgttctcatg gatttgcaaa cctgcagct aaagatagta 1680
atgcattctt ttgtcccatg tgctatatgg ggtttctcac tgactcttcc ctggaagagc 1740
atattagaca gggtcattgt gacctcagtg gctccgatt tgggtctcca gtgcttgga 1800
ctcccaaaga accagtagta gaagtctatt cttgttccta ttgtacaaat tgcgaatat 1860
tcaacagcgt tcttaaaactg aacaagcata tcaaagagaa tcataaaaac attcccttgg 1920
ccctgaatta tatccacaat gggaagaaat ccagggcott aagcccccta tctcctgtgg 1980
ccatagagca gacatctctt aagatgatgc aggcagtagg aggtgcacct gcacgcccc 2040
ctggagaata tatctgtaat caatgtgggt ctaagtacac atccctagac agctttcaga 2100
ctcacctaaa aactcatctc gacactgtgc ttccaaaatt gacctgtcct cagtgcacaa 2160
aggaattccc caaccaagaa tcttctgctga agcatgttac cattcacttt atgatcaatt 2220
caacgtatta catctgtgag agttgtgaca agcaattcac atcagtggat gaccttcaga 2280
aacacctgct ggacatgcac acctttgtct tcttctgctg caccctctgc caggaaagtt 2340
ttgactcaaa agtctccatt cagctccact tggctgtgaa gcacagtaac gaaaagaaag 2400
tctatagggt cacatcttgc aactgggaot tccgcaacga aactgaactg cagctccatg 2460
tgaaacacaa ccacctggaa aaccaaggga aagtgcataa gtgcattttc tgcggtgagt 2520
cctttggcac cgaggtggag ctgcaatgcc acatcaccac tcacagtaag aagtacaact 2580
goaagttctg tagcaaaagc ttccatgoga tcattttgtt agaaaaacac ttgcgagaaa 2640
aacactgtgt attcgaacc aagacaccca actgtggaac aaatggagct tccgagcaag 2700
tgcagaaaaga ggaagtggag ctgcagactt tgcagacaa cagccaggag tcccacaaca 2760
gtcacgatgg gagcgaagaa gacgttgaca cctotgagcc tatgtacggc tgcgacattt 2820
gtggggcagc ctacactatg gaaactttgc tgcagaatca ccagctccga gaccacaaca 2880
tcagacctgg agaaagtgcc atcgtgaaaa agaaagctga gctcattaaa gggaattaca 2940
agtgcacagt gtgctctcga acctctctc ccgaaaatgg cctccgggaa catatgcaga 3000
cccacctagg cctgtcaaa cactacatgt gccctatttg cggagagcgg ttccctccc 3060
ttttaactct tactgaacac aaagtcacgc atagtaagag tcttgatact ggaactgcc 3120
ggatttgcaa gatgcctctc cagagtgaag aggagtttt agagcattgc caaatgcacc 3180
ctgacttgag gaattccctg acaggcttcc gctgctgtgt gtgcatgcag acagtgcct 3240
ccaccttgga actcaaaatc catgggacgt tccacatgca aaagacaggg aatgggtctg 3300
cagttcagac cacagggcgg ggccagcagc tccaaaaact gtataagtgc gcatcttgc 3360
tcaaagaatt ccgttccaag caagatctgg tgaacttga tatcaatggc ctgccatag 3420
gtctgtgtgc cggctgcgtg aatctcagta agagcgccag ccagggcatt aacgtccctc 3480
ccggcacgaa tagaccaggc ttgggcagaa atgagaatct gagtgcatt gaggggaaag 3540
gcaaggtggg gggactgaag acacgtgct ctgctgcaa cgttaagttt gagtctgaaa 3600

29/175

```

gtgaactcca gaaccacatc caaaccatcc accgagagct cgtgccagac agcaacagca 3660
cacagttgaa aacgcccaca gtatcaccaa tgcccagaat cagtcctcc cagtcggatg 3720
agaagaagac ctatcaatgo atcaagtgtc agatggtttt ctacaatgaa tgggatattc 3780
aggttcatgt tgcaaatcac atgattgatg aaggactgaa ccatgaatgc aaactctgca 3840
gccagacctt tgactctcct gccaaactcc agtgccacct gatagagcac agcttcgaag 3900
ggatggggagg caccttcaag tgtccagtct gctttacagt atttgttcaa gcaaacaaagt 3960
tgcagcagca tattttctct gcccatggac aagaagacaa gatctatgac tgtacacaa 4020
gtccacagaa gttttcttc caaacagagc tgcagaatca tacaatgacc caacacagca 4080
gttagtgcaa gtacagtctc tcaaggagaa ttgattttgt ggcacaaaaa gggaacatgt 4140
tttaactctt gcaagaaact ttcattgtta atgtatatta ttcagaaaca ttgtattgta 4200
ccataaaact tgtattatca aactgttgga tgttcatgtg ttigaacttt tgogcaccgg 4260
atagaccctt tgtatataaa gtgttgacac tgtattatgt cgtctgatac taaaatggtc 4320
ttataaagac aagtggactt gggccctatt caggcaagat taaaaaaaaa aaagactatg 4380
acaaaaatgg ctttaagataa agtattttta aggaagaaag attaaaaaca actgttatac 4440
atgagactat ggttggactt cttttcttt acacttaagc ctagaatttc tctttaggta 4500
tatcagcgct taaatccaag actatttttt attgotgaag attcttgcaa accatgaaga 4560
gatgttctca cagaacagaa ccccacagct ggataaggcc cgtatatata tatttgtaag 4620
ccttgcaatg tgacaggtag catcactata tatgcaatag ttgttatgta gactgtcaaa 4680
gaattttttt ttccctggat acatttgaag ctttgagtgt tcaaggtttt ccttaatgat 4740
ttcacgcagc caaattcttg aatcagttga actaacctgt atgttactgt tattaatgtt 4800
tactctgcag tctgaacctg gagattactg gaattgtttt ccaagaggaa ataaattcag 4860
tttaccatt                                     4869

```

<210> 27

<211> 1311

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

```

Met Ser Arg Arg Lys Gln Ala Lys Pro Arg Ser Leu Lys Asp Pro Asn
 1           5           10          15
Cys Lys Leu Glu Asp Lys Thr Glu Asp Gly Glu Ala Leu Asp Cys Lys
 20          25          30
Lys Arg Pro Glu Asp Gly Glu Glu Leu Glu Asp Glu Ala Val His Ser
 35          40          45
Cys Asp Ser Cys Leu Gln Val Phe Glu Ser Leu Ser Asp Ile Thr Glu
 50          55          60
His Lys Ile Asn Gln Cys Gln Leu Thr Asp Gly Val Asp Val Glu Asp
 65          70          75          80
Asp Pro Thr Cys Ser Trp Pro Ala Ser Ser Pro Ser Ser Lys Asp Gln
 85          90          95
Thr Ser Pro Ser His Gly Glu Gly Cys Asp Phe Gly Glu Glu Gly
100         105         110
Gly Pro Gly Leu Pro Tyr Pro Cys Gln Phe Cys Asp Lys Ser Phe Ser
115         120         125
Arg Leu Ser Tyr Leu Lys His His Glu Gln Ser His Ser Asp Lys Leu
130         135         140

```


30/175

Pro Phe Lys Cys Thr Tyr Cys Ser Arg Leu Phe Lys His Lys Arg Ser
 145 150 155 160
 Arg Asp Arg His Ile Lys Leu His Thr Gly Asp Lys Lys Tyr His Cys
 165 170 175
 Ser Glu Cys Asp Ala Ala Phe Ser Arg Ser Asp His Leu Lys Ile His
 180 185 190
 Leu Lys Thr His Thr Ser Asn Lys Pro Tyr Lys Cys Ala Ile Cys Arg
 195 200 205
 Arg Gly Phe Leu Ser Ser Ser Ser Leu His Gly His Met Gln Val His
 210 215 220
 Glu Arg Asn Lys Asp Gly Ser Gln Ser Gly Ser Arg Met Glu Asp Trp
 225 230 235 240
 Lys Met Lys Asp Thr Gln Lys Cys Ser Gln Cys Glu Glu Gly Phe Asp
 245 250 255
 Phe Pro Glu Asp Leu Gln Lys His Ile Ala Glu Cys His Pro Glu Cys
 260 265 270
 Ser Pro Asn Glu Asp Arg Ala Ala Leu Gln Cys Val Tyr Cys His Glu
 275 280 285
 Leu Phe Val Glu Glu Thr Ser Leu Met Asn His Met Glu Gln Val His
 290 295 300
 Ser Gly Glu Lys Lys Asn Ser Cys Ser Ile Cys Ser Glu Ser Phe His
 305 310 315 320
 Thr Val Glu Glu Leu Tyr Ser His Met Asp Ser His Gln Gln Pro Glu
 325 330 335
 Ser Cys Asn His Ser Asn Ser Pro Ser Leu Val Thr Val Gly Tyr Thr
 340 345 350
 Ser Val Ser Ser Thr Thr Pro Asp Ser Asn Leu Ser Val Asp Ser Ser
 355 360 365
 Thr Met Val Glu Ala Ala Pro Pro Ile Pro Lys Ser Arg Gly Arg Lys
 370 375 380
 Arg Ala Ala Gln Gln Thr Pro Asp Met Thr Gly Pro Ser Ser Lys Gln
 385 390 395 400
 Ala Lys Val Thr Tyr Ser Cys Ile Tyr Cys Asn Lys Gln Leu Phe Ser
 405 410 415
 Ser Leu Ala Val Leu Gln Ile His Leu Lys Thr Met His Leu Asp Lys
 420 425 430
 Pro Glu Gln Ala His Ile Cys Gln Tyr Cys Leu Glu Val Leu Pro Ser
 435 440 445
 Leu Tyr Asn Leu Asn Glu His Leu Lys Gln Val His Glu Ala Gln Asp
 450 455 460
 Pro Gly Leu Ile Val Ser Ala Met Pro Ala Ile Val Tyr Gln Cys Asn
 465 470 475 480
 Phe Cys Ser Glu Val Val Asn Asp Leu Asn Thr Leu Gln Glu His Ile
 485 490 495
 Arg Cys Ser His Gly Phe Ala Asn Pro Ala Ala Lys Asp Ser Asn Ala
 500 505 510
 Phe Phe Cys Pro His Cys Tyr Met Gly Phe Leu Thr Asp Ser Ser Leu
 515 520 525

31/175

Glu	Glu	His	Ile	Arg	Gln	Val	His	Cys	Asp	Leu	Ser	Gly	Ser	Arg	Phe
530						535					540				
Gly	Ser	Pro	Val	Leu	Gly	Thr	Pro	Lys	Glu	Pro	Val	Val	Glu	Val	Tyr
545					550					555					560
Ser	Cys	Ser	Tyr	Cys	Thr	Asn	Ser	Pro	Ile	Phe	Asn	Ser	Val	Leu	Lys
				565					570					575	
Leu	Asn	Lys	His	Ile	Lys	Glu	Asn	His	Lys	Asn	Ile	Pro	Leu	Ala	Leu
			580					585					590		
Asn	Tyr	Ile	His	Asn	Gly	Lys	Lys	Ser	Arg	Ala	Leu	Ser	Pro	Leu	Ser
		595					600					605			
Pro	Val	Ala	Ile	Glu	Gln	Thr	Ser	Leu	Lys	Met	Met	Gln	Ala	Val	Gly
610					615						620				
Gly	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Thr	Gly	Glu	Tyr	Ile	Cys	Asn	Gln	Cys	Gly
625					630					635					640
Ala	Lys	Tyr	Thr	Ser	Leu	Asp	Ser	Phe	Gln	Thr	His	Leu	Lys	Thr	His
				645					650					655	
Leu	Asp	Thr	Val	Leu	Pro	Lys	Leu	Thr	Cys	Pro	Gln	Cys	Asn	Lys	Glu
			660					665					670		
Phe	Pro	Asn	Gln	Glu	Ser	Leu	Leu	Lys	His	Val	Thr	Ile	His	Phe	Met
		675					680					685			
Ile	Thr	Ser	Thr	Tyr	Tyr	Ile	Cys	Glu	Ser	Cys	Asp	Lys	Gln	Phe	Thr
690					695						700				
Ser	Val	Asp	Asp	Leu	Gln	Lys	His	Leu	Leu	Asp	Met	His	Thr	Phe	Val
705					710					715					720
Phe	Phe	Arg	Cys	Thr	Leu	Cys	Gln	Glu	Val	Phe	Asp	Ser	Lys	Val	Ser
				725					730					735	
Ile	Gln	Leu	His	Leu	Ala	Val	Lys	His	Ser	Asn	Glu	Lys	Lys	Val	Tyr
			740					745					750		
Arg	Cys	Thr	Ser	Cys	Asn	Trp	Asp	Phe	Arg	Asn	Glu	Thr	Asp	Leu	Gln
		755					760					765			
Leu	His	Val	Lys	His	Asn	His	Leu	Glu	Asn	Gln	Gly	Lys	Val	His	Lys
770					775						780				
Cys	Ile	Phe	Cys	Gly	Glu	Ser	Phe	Gly	Thr	Glu	Val	Glu	Leu	Gln	Cys
785					790					795					800
His	Ile	Thr	Thr	His	Ser	Lys	Lys	Tyr	Asn	Cys	Lys	Phe	Cys	Ser	Lys
				805					810					815	
Ala	Phe	His	Ala	Ile	Ile	Leu	Leu	Glu	Lys	His	Leu	Arg	Glu	Lys	His
			820					825					830		
Cys	Val	Phe	Glu	Thr	Lys	Thr	Pro	Asn	Cys	Gly	Thr	Asn	Gly	Ala	Ser
		835					840					845			
Glu	Gln	Val	Gln	Lys	Glu	Glu	Val	Glu	Leu	Gln	Thr	Leu	Leu	Thr	Asn
850						855					860				
Ser	Gln	Glu	Ser	His	Asn	Ser	His	Asp	Gly	Ser	Glu	Glu	Asp	Val	Asp
865					870					875					880
Thr	Ser	Glu	Pro	Met	Tyr	Gly	Cys	Asp	Ile	Cys	Gly	Ala	Ala	Tyr	Thr
				885					890					895	
Met	Glu	Thr	Leu	Leu	Gln	Asn	His	Gln	Leu	Arg	Asp	His	Asn	Ile	Arg
			900					905						910	

32/175

Pro Gly Glu Ser Ala Ile Val Lys Lys Lys Ala Glu Leu Ile Lys Gly
 915 920 925
 Asn Tyr Lys Cys Asn Val Cys Ser Arg Thr Phe Phe Ser Glu Asn Gly
 930 935 940
 Leu Arg Glu His Met Gln Thr His Leu Gly Pro Val Lys His Tyr Met
 945 950 955 960
 Cys Pro Ile Cys Gly Glu Arg Phe Pro Ser Leu Leu Thr Leu Thr Glu
 965 970 975
 His Lys Val Thr His Ser Lys Ser Leu Asp Thr Gly Asn Cys Arg Ile
 980 985 990
 Cys Lys Met Pro Leu Gln Ser Glu Glu Glu Phe Leu Glu His Cys Gln
 995 1000 1005
 Met His Pro Asp Leu Arg Asn Ser Leu Thr Gly Phe Arg Cys Val Val
 1010 1015 1020
 Cys Met Gln Thr Val Thr Ser Thr Leu Glu Leu Lys Ile His Gly Thr
 1025 1030 1035 1040
 Phe His Met Gln Lys Thr Gly Asn Gly Ser Ala Val Gln Thr Thr Gly
 1045 1050 1055
 Arg Gly Gln His Val Gln Lys Leu Tyr Lys Cys Ala Ser Cys Leu Lys
 1060 1065 1070
 Glu Phe Arg Ser Lys Gln Asp Leu Val Lys Leu Asp Ile Asn Gly Leu
 1075 1080 1085
 Pro Tyr Gly Leu Cys Ala Gly Cys Val Asn Leu Ser Lys Ser Ala Ser
 1090 1095 1100
 Pro Gly Ile Asn Val Pro Pro Gly Thr Asn Arg Pro Gly Leu Gly Gln
 1105 1110 1115 1120
 Asn Glu Asn Leu Ser Ala Ile Glu Gly Lys Gly Lys Val Gly Gly Leu
 1125 1130 1135
 Lys Thr Arg Cys Ser Ser Cys Asn Val Lys Phe Glu Ser Glu Ser Glu
 1140 1145 1150
 Leu Gln Asn His Ile Gln Thr Ile His Arg Glu Leu Val Pro Asp Ser
 1155 1160 1165
 Asn Ser Thr Gln Leu Lys Thr Pro Gln Val Ser Pro Met Pro Arg Ile
 1170 1175 1180
 Ser Pro Ser Gln Ser Asp Glu Lys Lys Thr Tyr Gln Cys Ile Lys Cys
 1185 1190 1195 1200
 Gln Met Val Phe Tyr Asn Glu Trp Asp Ile Gln Val His Val Ala Asn
 1205 1210 1215
 His Met Ile Asp Glu Gly Leu Asn His Glu Cys Lys Leu Cys Ser Gln
 1220 1225 1230
 Thr Phe Asp Ser Pro Ala Lys Leu Gln Cys His Leu Ile Glu His Ser
 1235 1240 1245
 Phe Glu Gly Met Gly Gly Thr Phe Lys Cys Pro Val Cys Phe Thr Val
 1250 1255 1260
 Phe Val Gln Ala Asn Lys Leu Gln Gln His Ile Phe Ser Ala His Gly
 1265 1270 1275 1280
 Gln Glu Asp Lys Ile Tyr Asp Cys Thr Gln Cys Pro Gln Lys Phe Phe
 1285 1290 1295

33/175

Phe Gln Thr Glu Leu Gln Asn His Thr Met Thr Gln His Ser Ser
 1300 1305 1310

<210> 28
 <211> 1988
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (160).. (876)

<400> 28
 gtttccgctg gcggcggcgg cgggcggcgg gcccggagcg gagcagagcg gagaccccca 60
 ggtcttgcgg gcggcgaata tcctggaacc ttcttttgtt tgtcagcagc caagggtgtt 120
 ccaggaagtt cagagagaac agaatttaag aagtgaaca tggccagggg ctgcctctgc 180
 tgottgaagt acatgatgtt cctcttcaat ttgatatctt ggctctgtgg ctgtgggctg 240
 ctgggagtg gcatctggct ctccgtgtcc caaggcaact ttgccacctt ctccccagc 300
 ttcccttcgt tgtctgcagc caacctggtc attgccatag gcaccattgt catggtgacg 360
 ggcttcctcg gctgcctggg ggccatcaag gaaaaaagt gcctcctcct cagcttttct 420
 atcgtcctgt tggtcacctt cctagcagag ctgatcttac tcatcctctt ctttgtctac 480
 atggacaagg tgaacgagaa cgccaagaag gacctgaagg aaggcctgct gctgtaccac 540
 accgagaaca acgtggggct gaagaacgac tggaaacatc tccaggctga gatgogatgc 600
 tgttggtgtc ctgactacac agactggtag ccagtgtcgg gggagaacac ggttccccgc 660
 cgctgctgca tggagaactc ccagggtcgc gggcgcaacg ccaccacgac tttgtggaga 720
 accggctgct atgaaaaggt gaagatgtgg ttcatgaca ataagcacgt gctgggcacg 780
 gtggggatgt gcatcctcat catgcagatc ctgggcatgg ccttctccat gacctcttc 840
 cagcacatcc accggactgg taagaagtag gacgcagag cgggctggcc gggagtgcgc 900
 accccgccct gctgccctgt ggagggaaga ggattgagct ttgtgtcacc tgctgcgct 960
 ctccagatat gacccctgca cccacccccc acagcctgcc ctacccacc taccctgct 1020
 cagcctcaga cttctcagtg ggtggagtg cagggaggag gaggcacacg gagacctggg 1080
 gctcggggcc cctggattcc tgcactctga tgtcgtatt tgccaaagac gacagggtgg 1140
 gotggggtgc gctccggagg aaccccggc actgttgggc ttotgcccct gcccttctc 1200
 acactgacac tttgtcccca catggggtgg ggagcagagt gcccgcgccg tggagatacc 1260
 gcccagcgg gggctgcgac atctatggcc accatggggc acctggcggg gcgggggtct 1320
 gccggcctct gggcaaggcc cctggagcat ctgcccagg ctttttatac cttacaatgt 1380
 aactttttta ttttatttta ctctatgatt attcaggaat attatctctc agataagttt 1440
 agggttagat ttctgatttg taacttttta ctgtgttgat ttctttaatg gtttgacttt 1500
 ttttccctga gggtgaggga tgggtgggaa gagaggacat ctgtcccctc ctctccagcc 1560
 cctgccacc cactgggtga ggtgctaact agcaggagcg tggcatagga tgggagctgg 1620
 gogtgaggtg ctgggggtcc attctttgtc cctcagcttc tcagagtcog gccagccctt 1680
 gtgttccctg gcccacact ttctcctcc cactgcagt gagtcaatag tccagggtgg 1740
 ggcttgccct ccctgccctg attggggact caggaggtga ggcttggggg gcttctctgc 1800
 cctccttgc ccacctgctt gcccccggg agcaaggag ggagagcagg gtgagcacgc 1860
 ttgttggttt cagatgcaat ttctgcttgc attgcccgt ctgtgcgttc cttcatcctg 1920
 gtcttggtt tatggaacac catgttttta gcatgtttt aaataaaaac ggataaagtg 1980
 tcaaaagc 1988

34/175

<210> 29
 <211> 239
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 29
 Met Ala Arg Gly Cys Leu Cys Cys Leu Lys Tyr Met Met Phe Leu Phe
 1 5 10 15
 Asn Leu Ile Phe Trp Leu Cys Gly Cys Gly Leu Leu Gly Val Gly Ile
 20 25 30
 Trp Leu Ser Val Ser Gln Gly Asn Phe Ala Thr Phe Ser Pro Ser Phe
 35 40 45
 Pro Ser Leu Ser Ala Ala Asn Leu Val Ile Ala Ile Gly Thr Ile Val
 50 55 60
 Met Val Thr Gly Phe Leu Gly Cys Leu Gly Ala Ile Lys Glu Asn Lys
 65 70 75 80
 Cys Leu Leu Leu Ser Phe Phe Ile Val Leu Val Ile Leu Leu Ala
 85 90 95
 Glu Leu Ile Leu Leu Ile Leu Phe Phe Val Tyr Met Asp Lys Val Asn
 100 105 110
 Glu Asn Ala Lys Lys Asp Leu Lys Glu Gly Leu Leu Leu Tyr His Thr
 115 120 125
 Glu Asn Asn Val Gly Leu Lys Asn Ala Trp Asn Ile Ile Gln Ala Glu
 130 135 140
 Met Arg Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Thr Asp Trp Tyr Pro Val Leu
 145 150 155 160
 Gly Glu Asn Thr Val Pro Asp Arg Cys Cys Met Glu Asn Ser Gln Gly
 165 170 175
 Cys Gly Arg Asn Ala Thr Thr Pro Leu Trp Arg Thr Gly Cys Tyr Glu
 180 185 190
 Lys Val Lys Met Trp Phe Asp Asp Asn Lys His Val Leu Gly Thr Val
 195 200 205
 Gly Met Cys Ile Leu Ile Met Gln Ile Leu Gly Met Ala Phe Ser Met
 210 215 220
 Thr Leu Phe Gln His Ile His Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asp Ala
 225 230 235

<210> 30
 <211> 1900
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (128).. (1195)

35/175.

<400> 30

```

tatattccgt gggagtgaca ttaaagacct tactgtttgt gagccacca aaccacagt 60
ttctttgcct caagaccag ctattgttca gtccctcacta ggctcatcga cttcttcatt 120
ccagtcacatg ggttcctatg gacctttcgg caggatgccc acatacagtc agttcagtc 180
gagttcctta gttgggcagc agttttgtgc tgttggtgtt gctggaagct ctttgacatc 240
ctttggaaca gaaacatcaa acagtgttac cttaccccaa agtagtgogg ttggttctgc 300
ctttacacag gatacaagat ctctaaaaac acagttatct caaggtcgct caagccctca 360
gtagaccct ttgagaaaaa gcccacccat ggaacaagca gtgcagaccg cctcagccca 420
cttaacctgt ccagcagctg ttgggagaag gactcctgta tcaaacaggc ctttgccatc 480
tgccagccaa aaggcaggag agaatcagga gcacaggcga gctgaagtac acaaagtttc 540
aaggccagaa aatgagcaac tcagaaatga taacaagaga caagtagctc cagggtctcc 600
ttcagctcca aggagagggo gtgggggtca tgggggtggc aggggaagat ttggtattcg 660
gcgagatggg ccaatgaaat ttgagaaaga ctttgacttt gaaagtgcga atgcacaatt 720
caacaaggaa gagattgaca gagagtttca taataaactt aaattaaaag aagataaact 780
tgagaaacag gagaagcctg taaatggtga agataaagga gactcaggag ttgataccca 840
aaacagttaa ggaatgcgc atgaagaaga tccacttgga cctaattgct attatgacaa 900
aactaaatcc ttctttgata atattttctg tgatgacaat agagaacgga gaccaacctg 960
ggctgaagaa agaagattaa atgctgaaac atttggaaac ccacttcgtc caaacctggt 1020
ccgtggggga tacagaggca gaggaggtct tggtttcctg ggtggcagag ggctgtgttg 1080
tgccagaggt ggtaccttca ctgcccctcg aggatctcgc ggtggattca gaggaggtcg 1140
tgggggccgg gagtttcggg attttgaata taggaaagac aacaaagttg ctgcatagtc 1200
tacaacaag tctctgaaa taggtgaatt tctagctctt catggtcctg aacattgatt 1260
tcagtccttg caaagaatga agaagtgaat tcgctgtaca ttgtcacca gcactgggtt 1320
tttgtttttt gtttgtttt ccgcttaatt tcaaagataa aatgcagtta cttttggggg 1380
tggaaggctc atcttaaaac atgagcatta aatatattg gaatagcaga aggttaagta 1440
atttattatg tatagttaa ctaaaagcgt acttcagtg gacttaacaa gtattttttc 1500
atcactgaaa ggtttttttt ttttatcact aaattgtatt tggcaattgc aagttgcctg 1560
cagatagggc cgtgatactg tgttttgagc cacagaaggt tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg 1620
tgtgtgtgtg tgtgtgtgta tgtgtgtgtc ttttctctcc ttcttttttg ggaatcctgt 1680
aatatgaggt agcttatttc gtcaattaat taggggtcgt gatggtagag aattttgtca 1740
gtcaactatg tacacacagt aaatactgtt tcttaggcaa aggttaactt ttatatagt 1800
tgtaaaaatc catttatatt cattgccaaa gaaacattaa gaactttgta tagctgtata 1860
aaaagcaact aattttttta agaataaaca ttttaaagtc 1900

```

<210> 31

<211> 356

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

```

Met Gly Ser Tyr Gly Pro Phe Gly Arg Met Pro Thr Tyr Ser Gln Phe
 1           5           10          15
Ser Pro Ser Ser Leu Val Gly Gln Gln Phe Gly Ala Val Gly Val Ala
      20          25          30
Gly Ser Ser Leu Thr Ser Phe Gly Thr Glu Thr Ser Asn Ser Gly Thr
    35          40          45

```

36/175

Leu Pro Gln Ser Ser Ala Val Gly Ser Ala Phe Thr Gln Asp Thr Arg
 50 55 60
 Ser Leu Lys Thr Gln Leu Ser Gln Gly Arg Ser Ser Pro Gln Leu Asp
 65 70 75 80
 Pro Leu Arg Lys Ser Pro Thr Met Glu Gln Ala Val Gln Thr Ala Ser
 85 90 95
 Ala His Leu Pro Ala Pro Ala Ala Val Gly Arg Arg Ser Pro Val Ser
 100 105 110
 Thr Arg Pro Leu Pro Ser Ala Ser Gln Lys Ala Gly Glu Asn Gln Glu
 115 120 125
 His Arg Arg Ala Glu Val His Lys Val Ser Arg Pro Glu Asn Glu Gln
 130 135 140
 Leu Arg Asn Asp Asn Lys Arg Gln Val Ala Pro Gly Ala Pro Ser Ala
 145 150 155 160
 Pro Arg Arg Gly Arg Gly Gly His Arg Gly Arg Gly Arg Phe Gly
 165 170 175
 Ile Arg Arg Asp Gly Pro Met Lys Phe Glu Lys Asp Phe Asp Phe Glu
 180 185 190
 Ser Ala Asn Ala Gln Phe Asn Lys Glu Glu Ile Asp Arg Glu Phe His
 195 200 205
 Asn Lys Leu Lys Leu Lys Glu Asp Lys Leu Glu Lys Gln Glu Lys Pro
 210 215 220
 Val Asn Gly Glu Asp Lys Gly Asp Ser Gly Val Asp Thr Gln Asn Ser
 225 230 235 240
 Glu Gly Asn Ala Asp Glu Glu Asp Pro Leu Gly Pro Asn Cys Tyr Tyr
 245 250 255
 Asp Lys Thr Lys Ser Phe Phe Asp Asn Ile Ser Cys Asp Asp Asn Arg
 260 265 270
 Glu Arg Arg Pro Thr Trp Ala Glu Arg Arg Arg Leu Asn Ala Glu Thr
 275 280 285
 Phe Gly Ile Pro Leu Arg Pro Asn Arg Gly Arg Gly Gly Tyr Arg Gly
 290 295 300
 Arg Gly Gly Leu Gly Phe Arg Gly Gly Arg Gly Arg Gly Gly Arg
 305 310 315 320
 Gly Gly Thr Phe Thr Ala Pro Arg Gly Phe Arg Gly Gly Phe Arg Gly
 325 330 335
 Gly Arg Gly Gly Arg Glu Phe Ala Asp Phe Glu Tyr Arg Lys Asp Asn
 340 345 350
 Lys Val Ala Ala
 355

<210> 32

<211> 1877

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

37/175

<221> CDS

<222> (127).. (840)

<400> 32

```

agcaccacca gggcagccg cgggagccgc gcccgcagcg gggacgggga gccccgggg 60
gccccggccac gcccgcgctc gcccgtcacc taccgggact ggatcggcca gagttactcc 120
gaggatgatga gcctcaacga gcactccatg caggcgctgt cctggcgcaa gctctacttg 180
agccggcgcca agcttaaagc ctccagccgg acctcggtc tgctctccgg ctccgccatg 240
gtggcaatgg tggagggtgca gctggacgct gaccaagact acccaccggg gctgctcctc 300
gccttcagtg cctgcaccac agtgctgggtg gctgtgcacc tgtttgogct catgatcagc 360
acctgcctcc tgcccaacat cgaggcggtg agcaacgtgc acaatctcaa ctccgtcaag 420
gagtcacccc atgagcgcat gcacccgccc atcgagctgg cctgggcctt ctccaccgtc 480
atcggcacgc tgctcttctt agctgagggtg gtgctgctct gctgggtcaa gttcttgccc 540
ctcaagaagc agccaggcca gccaaaggccc accagcaagc ccccgccggg tggcgagca 600
gccaacgtca gcaccagcgg catcaccccg gccaggcag ccgcatcgc ctccaccacc 660
atcatggtgc ccttcggcct gatctttatc gtcttcgct tccacttcta ccgctcactg 720
gtcagccata agaccgaccg acagttccag gagctcaacg agctggcgga gtttgcccg 780
ttacaggacc agctggacca cagaggggac caccocctga cggccggcag ccaactatgc 840
taggcccctg tggcttgggc ccttcagtg ctttggcctt accgcttcc ccatgacctt 900
gtcctgcccc agcctcacgg acagcctgtg cagggggctg ggcttcagca aggggcagag 960
cgtggaggga agaggatttt tataagagaa atttctgcac ttgaaactg tcctctaaga 1020
gaataagcat ttctgttct cccagctcca ggtccacctc ctgctgggag gcgggtgggg 1080
gccaaagtgg ggccacacac tcgtgtgtgc cctctctc cctgtgcca gtgccacctg 1140
ggtgcctcct cctgtcctgt ccgtctcaac ctccctccc tccagcattg agtgtgtaca 1200
tgtgtgtgtg acacataaat ataactataa ggacacctcc ttcccggtgc ttgtatttgt 1260
tgggcctggg ctactgtcca ccttggttag gtgagcctct aggaaaactt aaaaagcatt 1320
ttaagccagg tatgtggca catacctgtg gtctcagcta ttcaggaggc caaggcagga 1380
ggatctcttg agcccaggag tttgagacco catctcaaac aaaaaataca aaaattagcc 1440
agccacgggg cctgcacttc cagctccttt gagagactga ggcaggaaga ttgcctaagc 1500
ccaggaggcc aagtctgcag tgagctatgg taacaccact gactccaac ctgggcaaca 1560
gagggagact ctgtctctaa aaaaatagaa aaatttgccc tgcattgttg ctacgcctg 1620
taatcttagc cctttggaag gccaaaggcg gcagatcaat tgaggtcggg agttcgagac 1680
cagcctgacc aacatggaga aacccatct gtactaaaaa tacaaaatta gctgggtttg 1740
gtggcgcatg cttgtaatcc cagctactcg ggaggctgag gcaggagaat cgcttgaacc 1800
caggaggcgg aggttgagc gagctgagat cgcgccattg cactccagcc tgggcaacaa 1860
cagtgaact ccgtctc 1877

```

<210> 33

<211> 238

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

```

Met Ser Leu Asn Glu His Ser Met Gln Ala Leu Ser Trp Arg Lys Leu
 1             5             10             15
Tyr Leu Ser Arg Ala Lys Leu Lys Ala Ser Ser Arg Thr Ser Ala Leu
      20             25             30

```


38/175

Leu Ser Gly Phe Ala Met Val Ala Met Val Glu Val Gln Leu Asp Ala
 35 40 45
 Asp His Asp Tyr Pro Pro Gly Leu Leu Ile Ala Phe Ser Ala Cys Thr
 50 55 60
 Thr Val Leu Val Ala Val His Leu Phe Ala Leu Met Ile Ser Thr Cys
 65 70 75 80
 Ile Leu Pro Asn Ile Glu Ala Val Ser Asn Val His Asn Leu Asn Ser
 85 90 95
 Val Lys Glu Ser Pro His Glu Arg Met His Arg His Ile Glu Leu Ala
 100 105 110
 Trp Ala Phe Ser Thr Val Ile Gly Thr Leu Leu Phe Leu Ala Glu Val
 115 120 125
 Val Leu Leu Cys Trp Val Lys Phe Leu Pro Leu Lys Lys Gln Pro Gly
 130 135 140
 Gln Pro Arg Pro Thr Ser Lys Pro Pro Ala Gly Gly Ala Ala Ala Asn
 145 150 155 160
 Val Ser Thr Ser Gly Ile Thr Pro Gly Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ser
 165 170 175
 Thr Thr Ile Met Val Pro Phe Gly Leu Ile Phe Ile Val Phe Ala Phe
 180 185 190
 His Phe Tyr Arg Ser Leu Val Ser His Lys Thr Asp Arg Gln Phe Gln
 195 200 205
 Glu Leu Asn Glu Leu Ala Glu Phe Ala Arg Leu Gln Asp Gln Leu Asp
 210 215 220
 His Arg Gly Asp His Pro Leu Thr Pro Gly Ser His Tyr Ala
 225 230 235

<210> 34
 <211> 2598
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (24).. (1064)

<400> 34
 agaagcaaaa gagcagagct accatgtcct ctgggagcag acagcgacca aaaagcccag 60
 ggggcattca accccatgtt tctagaactc tggtcctgct gctgctgttg gcagcctcag 120
 cctggggggt caccctgagc cccaaagact gccaggtgtt ccgctcagac catggcagct 180
 ccatctcctg tcaaccacct gccgaaatcc cgggtacct gccagccgac accgtgcacc 240
 tggccgtgga attcttcaac ctgaccaccc tgccagccaa cctcctccag ggcgcctcta 300
 agctccaaga attgcacctc tccagcaatg ggctggaaag cctctcgccc gaattcctgc 360
 ggcagtgcc gcagctgagg gtgctggatc taaccggaaa cgcctgacc gggctgcct 420
 cgggcctctt ccaggcctca gccaccctgg acaccctggt attgaaagaa aaccagctgg 480
 aggtcctgga ggtctcgttg ctacacggcc tgaaagctct ggggcatctg gacctgtctg 540
 ggaaccgct cgggaaactg cccccgggc tgctggccaa ctaccacctc ctgcgcaccc 600

39/175

```

ttgaccttgg ggagaaccag ttggagacct tgccacctga cctcctgagg ggtccgctgc 660
aattagaacg gctacatcta gaaggcaaca aattgcaagt actgggaaaa gatctcctct 720
tgccgcagcc ggacctgcgc tacctcttcc tgaacggcaa caagctggcc aggttggcag 780
ccggtgcctt ccagggcctg cggcagctgg acatgctgga cctctccaat aactcactgg 840
ccagcgtgcc cgaggggctc tgggcatccc tagggcagcc aaactgggac atcggggatg 900
gcttcgacat ctccggcaac ccctggatct gtgaccagaa cctgagcgac ctctatcgtt 960
ggcttcaggc ccaaaaagac aagatgtttt ccagaaatga cagcgctgtg gctgggcctg 1020
aagccgtgaa gggccagacg ctccctggcag tggccaagtc ccagtggagc caggggcttg 1080
ggttgagggt ggggggtctg gtagaacact gcaaccgcct taacaaataa tcctgccttt 1140
ggccgggtgc gggggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccca ggtgggcgga 1200
tcacgaggto aggagatcga gacctottg gctaacatgg tgaaaccctg tctctactaa 1260
aaatataaaa aattagccag gcgtggtgtt gggcacctgt agtcccagca actcgggagg 1320
ctgaggcagg agaattggct gaacttggga ggcggagctt gcggtgagcc aagatcgtgc 1380
cactgcactc tagcctgggc gacagagcaa gactgtotca aaaaaattaa aattaaaatt 1440
aaaaacaaat aatcctgcct ttacagggtg aaactcgggg ctgtccatag cggctgggac 1500
cccgtttcat ccattcatgc ttctagaac acacgatggg ctttccttac ccattgcccc 1560
ggtgtgcctt ccgtctggaa tgccgttccc tgtttccag atctcttgaa ctctgggttc 1620
tcccagcccc ttgtccttcc ttccagctga gccctggcca caotggggct gcctttctct 1680
gactctgtct tccccagtc agggggctct ctgagtgcag ggtctgatgc tgagtccac 1740
ttagcttggg gtcagaacca aggggtttta taaataaccc ttgaaaactg gatcggatga 1800
attggcttto attgtgttcc tagcatcttc tcaaatcaac ttcccaggac tccagggtga 1860
aggaggaaaa gaggcattgc ccaggccctg ggggttggga tatggtctcc ctaggggatg 1920
acagttggga tcaatggcct gtgacttctc ctctcccttc ccccatcctg ggacctaa 1980
ggaaataaaa ccttgactgt tgcccgggtg tcattttacc agtggatttc tgccagggt 2040
tgtgtcctag gagaagggtt aagttaaacc agattgccc ggtctccaaa cgatttgtca 2100
tgctgacctg agatcatcga agggggcacc tgccccggg caaggttgca ggggcaggat 2160
ggggctgaag ggatgagcag ggtcccgggc ccacotgctg atacagcatt ggccatgttg 2220
gggctgcaat cggatttgga agaccctggg gcttgggggc atgtocagtt ttcccagctc 2280
cctaaaaaat gacctgcag cctggcgccg tggctcatgc ctgtaatcca aacacttigg 2340
gaggotgagg caggcagatc accggaggto aggagttcga gaccagactg gccaacatgg 2400
caaaaacctg tctctactaa aaatacaaaa attagocagg cacagtggca cgtgcctgta 2460
ataccagcta cttggggagg tcaggcagga gaatcacttg aacctgggag gcggagggtg 2520
cagtgagcca agatcacgcc actgcactcc aggctgggcg acagagtga actgtgtctc 2580
aaaaataaaa ataaaaat

```

<210> 35

<211> 347

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Met Ser Ser Trp Ser Arg Gln Arg Pro Lys Ser Pro Gly Gly Ile Gln

1 5 10 15

Pro His Val Ser Arg Thr Leu Phe Leu Leu Leu Leu Ala Ala Ser

20 25 30

Ala Trp Gly Val Thr Leu Ser Pro Lys Asp Cys Gln Val Phe Arg Ser

35 40 45

40/175

Asp His Gly Ser Ser Ile Ser Cys Gln Pro Pro Ala Glu Ile Pro Gly
 50 55 60
 Tyr Leu Pro Ala Asp Thr Val His Leu Ala Val Glu Phe Phe Asn Leu
 65 70 75 80
 Thr His Leu Pro Ala Asn Leu Leu Gln Gly Ala Ser Lys Leu Gln Glu
 85 90 95
 Leu His Leu Ser Ser Asn Gly Leu Glu Ser Leu Ser Pro Glu Phe Leu
 100 105 110
 Arg Pro Val Pro Gln Leu Arg Val Leu Asp Leu Thr Arg Asn Ala Leu
 115 120 125
 Thr Gly Leu Pro Ser Gly Leu Phe Gln Ala Ser Ala Thr Leu Asp Thr
 130 135 140
 Leu Val Leu Lys Glu Asn Gln Leu Glu Val Leu Glu Val Ser Trp Leu
 145 150 155 160
 His Gly Leu Lys Ala Leu Gly His Leu Asp Leu Ser Gly Asn Arg Leu
 165 170 175
 Arg Lys Leu Pro Pro Gly Leu Leu Ala Asn Phe Thr Leu Leu Arg Thr
 180 185 190
 Leu Asp Leu Gly Glu Asn Gln Leu Glu Thr Leu Pro Pro Asp Leu Leu
 195 200 205
 Arg Gly Pro Leu Gln Leu Glu Arg Leu His Leu Glu Gly Asn Lys Leu
 210 215 220
 Gln Val Leu Gly Lys Asp Leu Leu Leu Pro Gln Pro Asp Leu Arg Tyr
 225 230 235 240
 Leu Phe Leu Asn Gly Asn Lys Leu Ala Arg Val Ala Ala Gly Ala Phe
 245 250 255
 Gln Gly Leu Arg Gln Leu Asp Met Leu Asp Leu Ser Asn Asn Ser Leu
 260 265 270
 Ala Ser Val Pro Glu Gly Leu Trp Ala Ser Leu Gly Gln Pro Asn Trp
 275 280 285
 Asp Met Arg Asp Gly Phe Asp Ile Ser Gly Asn Pro Trp Ile Cys Asp
 290 295 300
 Gln Asn Leu Ser Asp Leu Tyr Arg Trp Leu Gln Ala Gln Lys Asp Lys
 305 310 315 320
 Met Phe Ser Gln Asn Asp Thr Arg Cys Ala Gly Pro Glu Ala Val Lys
 325 330 335
 Gly Gln Thr Leu Leu Ala Val Ala Lys Ser Gln
 340 345

<210> 36

<211> 3087

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (216).. (1283)

<400> 36

taacaaaogc	ogggcgtgac	agggggccgoc	agccccctccg	ccgcgcggag	cccacgaagg	60
ggacagcgca	gocggcccag	agctcgggto	tccggggacc	gagccttatg	atctcctcat	120
tgcgtccccc	tctgcccact	ggacttggac	ttcagatctg	accccagacc	tgccggctac	180
ctcggggagg	cccacctccc	cgcccatcca	gcaagatgcc	aatcctcaag	caactgggtg	240
ccagctcggg	gcaactcaaag	cgccgttccc	gagcggacct	cacggccgag	atgatcagcg	300
ccccgcctgg	cgacttccgc	cacaccatgc	acgttggccg	ggccggagac	gcctttgggg	360
acacctcctt	cctcaatagc	aaggctggcg	agcccgacgg	cgagtccttg	gacgaacagc	420
cctcttcttc	atcttccaaa	cgagctctcc	tgtccaggaa	gttccggggc	agcaagcggg	480
cacagtcggg	gaccaggggg	gagcggggag	agcgtgacat	gctgggctcc	ctgogggact	540
cggccctggt	tgtaagaat	gccatgtccc	tgcccccagc	caatgagaag	gaggcccgcg	600
agaagggcac	cagtaagctg	cccagagacc	tgtcatccag	ccccgtgaag	aaggccaatg	660
acggggaggg	cggcgatgag	gaggcgggca	cggaggaggo	agtgcocogt	cggaatgggg	720
cgcggggtcc	acattccccc	gacccccctc	tcgatgagca	ggcctttggg	gatctgacag	780
atctgcctgt	cgtgcccagg	gccacgtaag	ggctgaagca	tgccggagtcc	atcatgtcct	840
tccacatcga	cctggggccc	tccatgctgg	gtgacgtcct	cagcatcatg	gacaaggagg	900
agtgggaccc	cgaggagggg	gagggtggtt	accatggcga	tgaggggcgc	gctggcacca	960
tcacccaggc	tcccccgtag	gccgtggcgg	cccctcccc	ggcaaggcag	gaaggcaagg	1020
ctggcccaga	cttgccctcc	ctccccctcc	atgctctgga	ggatgagggg	tgggcagcag	1080
cggcccccag	ccccggctca	gcccgcagca	tgggcagcca	caccacacgg	gacagcagct	1140
ccctctccag	ctgcacctca	ggcatccttg	aggagcgcag	ccctgccttc	cgggggcccgg	1200
acagggcccg	ggctgctgtc	tcaaagacag	cagacaagga	gttctccttc	atggatgagg	1260
aggaggaggga	tgaatccgt	gtgtgaggcg	gacagtgggt	ggccaccggg	agctcttggc	1320
tgcattctot	ccctgcccc	accccactat	gacctttgac	cctacggcgc	aggggcagcc	1380
aggacccttg	attcagacca	tggacccttg	acctttaga	tgagggacac	tggcctggcc	1440
ctcgggtctt	cggaggacgt	agggggctgg	catgggtgcc	gactggctgc	ctgacttcat	1500
cacgtccct	gcacttaggc	tgcgtgggac	aagggtgtg	ttgtcacagc	aggaataggt	1560
tttctctgt	tggcctccct	ttcctccacc	ctggcctcaa	atggatgcca	gatgccaacc	1620
ccagttctgg	ccagctacag	ccagcgggtc	agcccagagg	cagcctcagc	tccagggcta	1680
aggactctog	gctcccat	tctctgtgtg	cgtttctgt	gtgcccagca	gtggotgctg	1740
gggaagcagc	tgcagcagga	gggagaoggt	cttgcccttc	agcccctccc	tgccccaccc	1800
cagctcctgc	cctggaaatc	tggagcccct	tggagctgag	ctggacgggg	ggccagctgc	1860
gagcatgtgt	actaaacgca	gccctttcca	ggggaagaga	acaggatgga	gaatggaagg	1920
aaagccccc	aggcttctg	aattgcaaga	agggaccctt	ccaggatgac	actaggaaca	1980
gggctagggc	actcgtcag	tccctagggg	cttgtttgtt	ctttattatt	gtgtttaaat	2040
ccttatagag	caatatcagg	atggtgttaa	taggtctgcc	tcagaatgag	aatcaatcct	2100
tttagaaaac	ctttatacta	agcctcctct	tcgaaattca	cagtggogat	tagcggactg	2160
gagtcctggg	gogattagcg	gactggagtc	tggggacatc	cgtggcaaag	acaccagctc	2220
aacttttagt	cttcccaact	ttatttagaa	tgacatgggg	tgggtgtctg	gtgtgtgtgt	2280
tttccctacg	cacctcccat	agctattaac	aactgaggaa	ggccagtga	gaatattttt	2340
ggagaacgat	ttttttttta	aataatatat	cattcctatg	gggggaaagc	cttttttttc	2400
tttttgctg	agttattccc	tccctccccc	caataccctc	agtactgact	acttcccttt	2460
cttttctcag	gcctccccc	accgactttt	gaggccaggg	ttggccagat	ttagcaaaac	2520
caaaacagag	tgtgagtta	aacgcaaatt	tcaggtaaac	aaaagataat	tttctagcat	2580
taatatgccc	cacgcaatat	ttggaacact	tatgtgaaaa	atgatttgtt	tttctgaaat	2640
tcacgtttct	ctctgagtc	tgtaactgtc	cccaggggga	ttgagcagaa	gctcgggtat	2700
gagccctgag	gttgactgcc	ggttatTTTT	ctgacctggg	aacagcctga	cccacctccc	2760

42/175

```

tgtctccatg tagccagtga ggggaggggg agacacagaa ccaaccacag ccaggggct 2820
ccccatggcg actgtggccc ggccctcct ctcttgccctg actctcctct cttgcctgac 2880
tctagacact aacttagttc caggttcggg gccctgttgg tgctcctgtt tccaatagct 2940
taggtcccat ggtgggggag gaacctcagg ggctatgcag ccccgccag ctgccctcga 3000
atcccggtcca ggccaattcc agattctaaa ctgatttttt tcatgatatt gtcaaacacag 3060
tgaggaaaca ttaaaaaaaaa aagccct 3087

```

<210> 37

<211> 356

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

```

Met Pro Ile Leu Lys Gln Leu Val Ser Ser Ser Val His Ser Lys Arg
 1           5           10           15
Arg Ser Arg Ala Asp Leu Thr Ala Glu Met Ile Ser Ala Pro Leu Gly
      20           25           30
Asp Phe Arg His Thr Met His Val Gly Arg Ala Gly Asp Ala Phe Gly
      35           40           45
Asp Thr Ser Phe Leu Asn Ser Lys Ala Gly Glu Pro Asp Gly Glu Ser
      50           55           60
Leu Asp Glu Gln Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Ser Leu Leu Ser
      65           70           75           80
Arg Lys Phe Arg Gly Ser Lys Arg Ser Gln Ser Val Thr Arg Gly Glu
      85           90           95
Arg Glu Gln Arg Asp Met Leu Gly Ser Leu Arg Asp Ser Ala Leu Phe
      100          105          110
Val Lys Asn Ala Met Ser Leu Pro Gln Leu Asn Glu Lys Glu Ala Ala
      115          120          125
Glu Lys Gly Thr Ser Lys Leu Pro Lys Ser Leu Ser Ser Pro Val
      130          135          140
Lys Lys Ala Asn Asp Gly Glu Gly Gly Asp Glu Glu Ala Gly Thr Glu
      145          150          155          160
Glu Ala Val Pro Arg Asn Gly Ala Ala Gly Pro His Ser Pro Asp
      165          170          175
Pro Leu Leu Asp Glu Gln Ala Phe Gly Asp Leu Thr Asp Leu Pro Val
      180          185          190
Val Pro Lys Ala Thr Tyr Gly Leu Lys His Ala Glu Ser Ile Met Ser
      195          200          205
Phe His Ile Asp Leu Gly Pro Ser Met Leu Gly Asp Val Leu Ser Ile
      210          215          220
Met Asp Lys Glu Glu Trp Asp Pro Glu Glu Gly Glu Gly Tyr His
      225          230          235          240
Gly Asp Glu Gly Ala Ala Gly Thr Ile Thr Gln Ala Pro Pro Tyr Ala
      245          250          255
Val Ala Ala Pro Pro Leu Ala Arg Gln Glu Gly Lys Ala Gly Pro Asp
      260          265          270

```

43/175

Leu Pro Ser Leu Pro Ser His Ala Leu Glu Asp Glu Gly Trp Ala Ala
 275 280 285
 Ala Ala Pro Ser Pro Gly Ser Ala Arg Ser Met Gly Ser His Thr Thr
 290 295 300
 Arg Asp Ser Ser Ser Leu Ser Ser Cys Thr Ser Gly Ile Leu Glu Glu
 305 310 315 320
 Arg Ser Pro Ala Phe Arg Gly Pro Asp Arg Ala Arg Ala Ala Val Ser
 325 330 335
 Arg Gln Pro Asp Lys Glu Phe Ser Phe Met Asp Glu Glu Glu Glu Asp
 340 345 350
 Glu Ile Arg Val
 355

<210> 38
 <211> 3305
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (41).. (586)

<400> 38
 ctctgacagg atcgggggct gaggggaagga ggcggcgggc atggagttag gcgagctgct 60
 ctacaacaag tctgagtaca togagacggc atctgggaac aaagtcagtc gccagtcagt 120
 gttgtgtgga agccagaaca togttctcaa tggcaagacc attgtgatga atgactgtat 180
 tatccgaggg gatctggcaa atgtaagagt tggacgtoat tgtgttgta aaagtcgtag 240
 tgtcataagg ccaccattca agaagttcag caaagggtgt gcattcttct ctttacatat 300
 tggagaccat gtcttttatt aggaagattg tgttggtcaac gcagcacaga ttggttccta 360
 tgttcatgtt gggaagaact gtgtgattgg gcgcgatgt gtgttgaaag actgctgcaa 420
 aattcttgac aacacagtat tacctcggga aactgtggtt ccaccattca ctgtcttctc 480
 aggcctgccc ggactcttct caggggagct cccggagtgc actcaggagc tgatgattga 540
 cgtcaccaag agctactacc agaagttttt gccctgacg caagtctagc atctctgctt 600
 catgtcttga atctgcttga gctctaagat gaacctgggg acaaagttag ccagtcagca 660
 cctacaaaga gttttgtgt ctttgacatc taccaccctc ctcttttaa aaaatttctt 720
 tagaatttct caatcttcaa ggctctaagt gcttaagaat tcaactaacg acagaccatc 780
 tggaggagct gtcttcaa atgtgtgctta caacttatct atgaacagtc actttgtacc 840
 attatctgtg gaacacagaa tcactgttgc ccaacactcc agccccttgg tctgtggat 900
 ggctggatcc cgcctgaaac ggacctgcag agcagcagca cccttcgggt gtggaggcta 960
 tgtagctggt gogctgctca oggcccattca ctgcccattg tgagcgcctc tcacacaggt 1020
 aatgcccagc ttttctgctg ctaacacatt tggccagtgt ttgagttgc tcatcatctt 1080
 gggaaagggt tttgtgactt ttcagagccc agattcctgt tgtctattaa aacttgaagg 1140
 gaggggtgaa tagtgtttct ctcttcttcc caaaatgacc ttgctgtcc taggatagtt 1200
 agtaaaagac tttttagcat tttgacctag ggcctttggc tttaactaaa agtggggacc 1260
 tcagtatccc agattgtaat tttgccaagt gttagatttg agtctctcat gtggatgcat 1320
 tagtcagggt gttactcctt gcttcaaggt acttacctta ttcatattga gacaccgcat 1380
 ttgtgaactc ttgcttctg gcttagaacc attcagccta cctgtattt gccataaact 1440

44/175

```

ccacaattca caccaaaatg tctgtactta gagctaattc goatatatac aggaagggct 1500
cttagaatca gtttgtgggc acagagcctc aggagtaaat gaagttacta gggctgttct 1560
taccatctcc ttctggccaa atagcacaac atttcctcgt tctgctctga cctcttagct 1620
tagaaggaag attcagaagt gaggggctaa gaagggttgc ottgootaat gctctgatct 1680
gtaagtgaat agggcagaa acgttcagcct tgagggttaga atttagcagg agctatcctg 1740
acttaatatc cagttgtggg gtttgcaaaa caaacagct gtatgtaatc attgccacta 1800
gttccatcta gaactccttt ctagtgtgtt atttttaaaa tgtttataca taaaaccacc 1860
aaaatacata gcttcgacaa gatggaagtt tattttotct tcccataaca gtgcagtgat 1920
agtcagctgg tccaggccag gcaaggggct ggtccatgat gtcacaggc acccagggtc 1980
ctactgtcct gccatgtggc cacagttagc acaaaggag gctgtaaatt tagtttctac 2040
tigggcagcc aaaactctga ggaaggagat tctgctagta aaaaggagt ggggaagaat 2100
ggccattggg agacaacaag cagactcaac caggcctctt tgttggcttc ctttcctcct 2160
gctgcacatg agccttggc gtgcatttgg agccatgaca gctgatagct ccagacctgc 2220
atcctcctag cttgggggct ctgaatgaaa ggtttotctc cttccagttc gaatttggaa 2280
actcccaaag ttctcaatgg tttgttgtga gttccatgtc ctcttggatc agtcaactgtg 2340
gccatgcatg tttggccaca tgattaatcc agtctgggtc atgacctttt cttcatccaa 2400
aacaagggtg tgggaagaca aaaacaatag ctactacaaa caataggagt ttataattat 2460
gtgctgatgt attcgaagat gtgttgacag tctgtagtgt gtatcctagg aaaggcgagc 2520
tggaactctg ctccatgggt gctctcacc cagggaacct ggaacagcct gtcaccacac 2580
aattactttt ataaccctgg agatgaaaat ctcttgttcc tcaaaatact tccagaagaa 2640
caaccagatg ggaaggacct tggttgggac tctttccagt tcaattgggg cagagggaat 2700
ttaatggctc atgtagctga aaaggatggg ctgatttggg cttcaggctg catcccagga 2760
ctccaaacag ggaatcgtct ctttggctct cagctctgct ttcatttgag ttggctttat 2820
tcttgggctt cacagtgtgg ccccacagca ccagttattg ataaaaagag ctcccccttg 2880
ctgacagaac tgcctggatt ggttotoatt ggtccagacg aggaaggat ccagcctcaa 2940
gtcatcattg tggccaggaa gatggaatac accaaatgga caggcctggc atgtaccac 3000
agagactgag agttgggtgt ggtgtgtgtg gtggcagatg atattacctg aagaaggac 3060
gaatgggtgc tgggcaggac aaagcatcag ctgtccagtt caggcctctc ctctttccct 3120
gggtgtttca ttttctctcg cctccctgct gtcccttacc ctotgoccaa tototcatta 3180
ctcctggtct tgggagttgc cttctgagga tactccactg ggggtacctg agcctggatt 3240
agagggcagg gggaggatat tgcctagcca aagtgggtgt tcaataaaaa accatttga 3300
gatgg 3305

```

<210> 39

<211> 182

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

```

Met Glu Leu Gly Glu Leu Leu Tyr Asn Lys Ser Glu Tyr Ile Glu Thr
  1           5           10           15
Ala Ser Gly Asn Lys Val Ser Arg Gln Ser Val Leu Cys Gly Ser Gln
          20          25          30
Asn Ile Val Leu Asn Gly Lys Thr Ile Val Met Asn Asp Cys Ile Ile
          35          40          45
Arg Gly Asp Leu Ala Asn Val Arg Val Gly Arg His Cys Val Val Lys
          50          55          60

```

45/175

Ser Arg Ser Val Ile Arg Pro Pro Phe Lys Lys Phe Ser Lys Gly Val
 65 70 75 80
 Ala Phe Phe Pro Leu His Ile Gly Asp His Val Phe Ile Glu Glu Asp
 85 90 95
 Cys Val Val Asn Ala Ala Gln Ile Gly Ser Tyr Val His Val Gly Lys
 100 105 110
 Asn Cys Val Ile Gly Arg Arg Cys Val Leu Lys Asp Cys Cys Lys Ile
 115 120 125
 Leu Asp Asn Thr Val Leu Pro Pro Glu Thr Val Val Pro Pro Phe Thr
 130 135 140
 Val Phe Ser Gly Cys Pro Gly Leu Phe Ser Gly Glu Leu Pro Glu Cys
 145 150 155 160
 Thr Gln Glu Leu Met Ile Asp Val Thr Lys Ser Tyr Tyr Gln Lys Phe
 165 170 175
 Leu Pro Leu Thr Gln Val
 180

<210> 40
 <211> 2252
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (451).. (1269)

<400> 40

catgcagcgc ggctgggtcc cgcggcgccc ggatcgggga agtgaaagt cctcggagga 60
 ggagggcggg tcgggcagtg cagccgcctc acaggtoggc ggacgggcca ggccggcgcc 120
 ctctgaacc gaaccgaatc ggctcctogg gccgtcgtcc tccgcacct cctgcgccgc 180
 cgccggagtt ttctttcggg ttcttccaag attcctggcc ttccctcgac ggagccgggc 240
 ccagtgcggg gggcaggggc ggggagctc cactctctcg gctttccctg cgtccagagg 300
 ctggcatggc ggggcccag tactgaaagc acggtcgggg cacagcaggg ccggggggtg 360
 cagctggctc gcgcctctc tcggccggcc gtctcctccg gtcccggcg aaagccattg 420
 agacaccagc tggacgtcac gcgccggagc atgtctggga gtcagagcga ggtggctcca 480
 tcccgcaga gtccgaggag ccccgagatg gggcgggact tgcggccgg gtcccgctg 540
 ctctgtctcc tgcctctgtc cctgtctgtg tacctgactc agccaggcaa tggcaacgag 600
 ggcagcgtca ctggaagttg ttattgtggt aaaagaattt cttccgactc cccgccatcg 660
 gttcagttca tgaatcgtct ccggaacac ctgagagctt accatoggtg tctatactac 720
 acgaggttcc agctcctttc ctggagcgtg tgtggaggca acaaggaccc atgggttcag 780
 gaattgatga gctgtcttga tctcaaagaa tgtggacatg cttactcggg gattgtggcc 840
 caccagaagc atttacttcc taccagcccc ccaatttctc aggcctcaga gggggcatct 900
 tcagatatcc tcaccttgc ccagatgtc ctgtccacct tgcagtccac tcagcgcccc 960
 accctcccag taggatcact gtctcggac aaagagctca ctctgccaa tgaaccacc 1020
 attcacactg cgggccacag tctggcagct gggcctgagg ctggggagaa ccagaagcag 1080
 ccggaaaaaa atgtctgtcc cacagccagg acatcagcca cagtgcagct cctgtgctc 1140
 ctggccatca tcttcatcct caccgcagcc ctttctatg tctgtgcaa gaggaggagg 1200

46/175

```

gggcagtcac ogcagtcctc tccagatctg ccggttcatt atatacctgt ggcacctgac 1260
tctaatacct gagccaagaa tggaagcttg tgaggagacg gactctatgt tgcccaggct 1320
gttatggaac tcttgagtea agtgatcctc ccaccttgge ctctgaaggt gcgaggatta 1380
taggcgtcac ctaccacato cagcctacac gtatttgta atatctaaca taggactaac 1440
cagccactgc cctctcttag gccctcatt taaaaacgg taaactataaa atctgctttt 1500
cacactgggt gataataact tggacaaatt ctatgtgtat tttgtttgt tttgctttgc 1560
tttgttttga gacggagtct cgtctgtga tccaggctgg agtgagtggt catgatctcg 1620
gctcactgca acccccatct cccaggctta agcgattctc ctgcctcctc ctgagtagct 1680
gggactacag gtgctcacca ccacaccag ctaattttt gtatttttag tagagacggg 1740
gtttcaccat gttgaccagg ctggtctoga actcctgacc tggtagctcg cccaccagg 1800
cctcccaaag tgctgggatt aaaggtgtga gccaccatgc ctggccctat gtgtgtttt 1860
taactactaa aaattatttt tgtaatgatt gactctctt tatggaaaca actggcctca 1920
gcccttgccg ccttactgtg attcctggct ccatttttg ctgatgggtc cccctcgtcc 1980
caaatctctc tcccagtaca ccagttgttc ctccccacc tcagccctct cctgcacctc 2040
cctgtaccog caacgaagge ctgggtttc ccaccctccc tccttagcag gtgccgtgct 2100
gggacaccat acgggttggt ttcacctctc cagtccttg cctacccag tgagagtctg 2160
atcttgtttt tattgttatt gctttatta ttattgctt tattatcatt aaaactctag 2220
ttcttgtttt gtctctccga aaaaaaaaaa ag 2252

```

<210> 41

<211> 273

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

```

Met Ser Gly Ser Gln Ser Glu Val Ala Pro Ser Pro Gln Ser Pro Arg
 1           5           10           15
Ser Pro Glu Met Gly Arg Asp Leu Arg Pro Gly Ser Arg Val Leu Leu
 20           25           30
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Val Tyr Leu Thr Gln Pro Gly Asn Gly
 35           40           45
Asn Glu Gly Ser Val Thr Gly Ser Cys Tyr Cys Gly Lys Arg Ile Ser
 50           55           60
Ser Asp Ser Pro Pro Ser Val Gln Phe Met Asn Arg Leu Arg Lys His
 65           70           75           80
Leu Arg Ala Tyr His Arg Cys Leu Tyr Tyr Thr Arg Phe Gln Leu Leu
 85           90           95
Ser Trp Ser Val Cys Gly Gly Asn Lys Asp Pro Trp Val Gln Glu Leu
100          105          110
Met Ser Cys Leu Asp Leu Lys Glu Cys Gly His Ala Tyr Ser Gly Ile
115          120          125
Val Ala His Gln Lys His Leu Leu Pro Thr Ser Pro Pro Ile Ser Gln
130          135          140
Ala Ser Glu Gly Ala Ser Ser Asp Ile Leu Thr Pro Ala Gln Met Leu
145          150          155          160
Leu Ser Thr Leu Gln Ser Thr Gln Arg Pro Thr Leu Pro Val Gly Ser
165          170          175

```

47/175

Leu Ser Ser Asp Lys Glu Leu Thr Arg Pro Asn Glu Thr Thr Ile His
 180 185 190
 Thr Ala Gly His Ser Leu Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Glu Asn Gln
 195 200 205
 Lys Gln Pro Glu Lys Asn Ala Gly Pro Thr Ala Arg Thr Ser Ala Thr
 210 215 220
 Val Pro Val Leu Cys Leu Leu Ala Ile Ile Phe Ile Leu Thr Ala Ala
 225 230 235 240
 Leu Ser Tyr Val Leu Cys Lys Arg Arg Arg Gly Gln Ser Pro Gln Ser
 245 250 255
 Ser Pro Asp Leu Pro Val His Tyr Ile Pro Val Ala Pro Asp Ser Asn
 260 265 270
 Thr

<210> 42
 <211> 3119
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (94)... (1212)

<400> 42
 aagtaactcg ggaagacgac caagcgggag cgggagcggg agcgggagcc ggagcgagag 60
 cgcgcgggcg cggcgcacag tgcctgattt gagatggggt cccagggtctc ggtggaatcg 120
 ggagctctgc acgtgggtgat tgtgggtggg ggcttggcg ggatcgcagc agccagccag 180
 ctgcaggccc tgaacgtccc ctcatgotg gtggacatga aggactcctt ccaccacaat 240
 gtggctgctc tccgagctc cgtggagaca gggctogcca aaaagacatt catttcttac 300
 tgggtgactt tcaaggacaa ctcccgccag gggctagtag tgggataga cctgaagaac 360
 cagatgggtc tgcctcaggg tggcagggcc ctgcccttct ctcatcttat cctggccacg 420
 ggcagcaatg ggcccttccc gggcaagttt aatgaggttt ccagccagca ggccgctatc 480
 caggcctatg aggacatggt gaggcaggto cagcgcctac ggttcacgtt ggtggtggga 540
 ggaggctcgg ctggagtgga gatggcagca gagattaaaa cagaatatcc tgagaaagag 600
 gtcactctca ttactccca agtggccctg gctgacaagg agctcctgcc ctccgtccgg 660
 caggaagtga aggagatcct cctccggaag ggcgtgcagc tgotgtgag tgagcgggtg 720
 agcaatctgg aggagctgcc tctcaatgag tatcgagagt acatcaaagt gcagacggac 780
 aaaggcacag aggtggccac caacctgggt attctctgca ccggcatcaa gatcaacagc 840
 tccgcctacc gcaaagcatt tgagagcaga ctagccagca gtggtgctct gagagtgaac 900
 gagcacctcc aggtggaggg ccacagcaac gtctaogcca ttggtgactg tgccgacgtg 960
 aggacgcccc agatggccta tcttgccggc ctccacgcca acatcgccgt ggccaacatc 1020
 gtcaactctg tgaagcagcg gcctctccag gcctacaagg cgggtgcact gacgttctc 1080
 ctgtccatgg ggagaaatga cgggtggggc caaatoagt gcttctatgt gggccggctc 1140
 atggttcggc tgaccaagag ccgggacctg ttctctctta cgagctggaa aaccatgagg 1200
 cagtctccac cttgatggag aggccaggcg ggagaactac cgcagcaggt gggcgtagcg 1260
 actgcttggc gcattggcacc cgctgggcaa gtgctagaac taatgctatt cttctggaat 1320

48/175

```

aagatgcoaa tgatgtggg gctagaaatg caacttgtat aaaacaaaaa tgggagagag 1380
agaggtatta aacaaatacc ccccttagag gatactttct gggtttggaa ggtgtgcttg 1440
ctgtggtaact gggtagagg ctcattgttg ctggctgcat ggtgctgggg aggccacagc 1500
cagcccttcc tctgcacctg cctcctctgg gatgtgcatg tgtgtgtatg tgcctgttgt 1560
catgacgcgt gccatttaga gctctcagag cagggcagat tgcctgggctc tgggtggccag 1620
tgtctgtctg tgagggcagg aaggagagct gcacattgag aacaaaggag ggacctgagg 1680
tggagagagg cccagcacc ccaatctctg ccatacacag gtccggggagc ccatacatto 1740
tgcaacaacc agggacttca caggagcctt gttttcaatt tgctaacagg tgcataatcc 1800
ctgtgctcct taagcctcat ggccttccta catttccact ttatttgttt gtttgtttat 1860
ttatttttga gacagtctcg cctgtcacc caggctggag tgcagtggca cgatctcago 1920
tcactgcaac ctacgccttc tgggttcacg tgattctctt gccttagcct cccaagtagc 1980
tgggactaca ggcacgtgcc accatgcctg gctaattttt gtatttttta aatagagacg 2040
gggtttcact gtgttggcca ggctggcttc gaacacctga cctcaggtga tccattcgto 2100
ttggcctctc gaagtgtctg gattccaggc gtgagccact gcggccagca catttccact 2160
tttagatcct actccatacc acaggtttca ttttaagaaga aagagctaga taaatgtgct 2220
cttctggtta ccccaacctg acagagtga tttttacacg gctagcaggg gttgagactg 2280
cagcctggcc tgccagccat tggaggtgtt taaggaggc cagataatgt gactctttgc 2340
ggggtgccat ctgcttacc attagcgagc agagggggtt tctgcgggtg acccccagca 2400
tattcttagg ttacttatgg gcagatttgt aagtacaaa actccagctg atgctgggaa 2460
tggggagagg gcccttgagg gactttgttg ttttgtctt ctggtttcct ggccaacccc 2520
agggtcactt gtctggaggc ccagctgggc actaatgtct gccaccgact atgttacagt 2580
gtataaatga ttctctatt tgggagagat cttccaatcc agaggagccc ctcttggaact 2640
gcctgggtta aatctgcata gcagaaatgg ttgatgagtt catctgaaga aattcaggcc 2700
ccacctcccc acctgcccc tccctgctcc cttttgatgg tggcctctgg gtaactgggc 2760
agagtccctg ggacaccagc ctctctgggg ttctoaggcc atcccgttgg ggctgtgcgc 2820
caggccctag tgagtctgt gcctctattg gaggatggct gttcccctgg tgggtgcac 2880
caagtatctg tctttcttta tggaccaaga agggaagccc accttctctg aggcaggacc 2940
ttcgccctaa gaaacacagg cctgtgtgt atctgacct ggttcagcg aggtgggaat 3000
cccagtgtg gagcgacagg cttctctcta ttgacttaca atattctaga aggacctacg 3060
tgtggggaca cagttttcca aactaggaa aatgttgcaa taaaagaata tgttgtaag 3119

```

<210> 43

<211> 373

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

```

Met Gly Ser Gln Val Ser Val Glu Ser Gly Ala Leu His Val Val Ile
  1           5           10           15
Val Gly Gly Gly Phe Gly Gly Ile Ala Ala Ala Ser Gln Leu Gln Ala
  20           25           30
Leu Asn Val Pro Phe Met Leu Val Asp Met Lys Asp Ser Phe His His
  35           40           45
Asn Val Ala Ala Leu Arg Ala Ser Val Glu Thr Gly Phe Ala Lys Lys
  50           55           60
Thr Phe Ile Ser Tyr Ser Val Thr Phe Lys Asp Asn Phe Arg Gln Gly
  65           70           75           80

```

49/175

```

Leu Val Val Gly Ile Asp Leu Lys Asn Gln Met Val Leu Leu Gln Gly
      85      90      95
Gly Glu Ala Leu Pro Phe Ser His Leu Ile Leu Ala Thr Gly Ser Thr
      100      105      110
Gly Pro Phe Pro Gly Lys Phe Asn Glu Val Ser Ser Gln Gln Ala Ala
      115      120      125
Ile Gln Ala Tyr Glu Asp Met Val Arg Gln Val Gln Arg Ser Arg Phe
      130      135      140
Ile Val Val Val Gly Gly Gly Ser Ala Gly Val Glu Met Ala Ala Glu
      145      150      155      160
Ile Lys Thr Glu Tyr Pro Glu Lys Glu Val Thr Leu Ile His Ser Gln
      165      170      175
Val Ala Leu Ala Asp Lys Glu Leu Leu Pro Ser Val Arg Gln Glu Val
      180      185      190
Lys Glu Ile Leu Leu Arg Lys Gly Val Gln Leu Leu Leu Ser Glu Arg
      195      200      205
Val Ser Asn Leu Glu Glu Leu Pro Leu Asn Glu Tyr Arg Glu Tyr Ile
      210      215      220
Lys Val Gln Thr Asp Lys Gly Thr Glu Val Ala Thr Asn Leu Val Ile
      225      230      235      240
Leu Cys Thr Gly Ile Lys Ile Asn Ser Ser Ala Tyr Arg Lys Ala Phe
      245      250      255
Glu Ser Arg Leu Ala Ser Ser Gly Ala Leu Arg Val Asn Glu His Leu
      260      265      270
Gln Val Glu Gly His Ser Asn Val Tyr Ala Ile Gly Asp Cys Ala Asp
      275      280      285
Val Arg Thr Pro Lys Met Ala Tyr Leu Ala Gly Leu His Ala Asn Ile
      290      295      300
Ala Val Ala Asn Ile Val Asn Ser Val Lys Gln Arg Pro Leu Gln Ala
      305      310      315      320
Tyr Lys Pro Gly Ala Leu Thr Phe Leu Leu Ser Met Gly Arg Asn Asp
      325      330      335
Gly Val Gly Gln Ile Ser Gly Phe Tyr Val Gly Arg Leu Met Val Arg
      340      345      350
Leu Thr Lys Ser Arg Asp Leu Phe Val Ser Thr Ser Trp Lys Thr Met
      355      360      365
Arg Gln Ser Pro Pro
      370

```

<210> 44

<211> 3111

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (39).. (2762)

<400> 44

attataatta cgatgatgaa gatgaagatg aaaatgcaat ggatgctgat ggtgggtgatg 60
atgatgatca agggagtgat gatgaataga gtgatgatga tgacatgagt tggaaagtga 120
gacgtgcagc tgcgaagtgc ttggatgccg tagtttagcac aaggcatgaa atgcttcag 180
aattctacaa gaccgtctct cctgcactaa tatccagatt taaagagcgt gaagagaatg 240
taaaggcaga tgtttttcac gcataccttt ctcttttgaa gcaaaactcgt cctgtacaaa 300
gttggctatg tgaccctgat gcaatggagc agggagaaac acctttaaca atgcttcaga 360
gtcaggttcc caacattggt aaagctcttc acaaacagat gaaagaaaaa agtgtgaaga 420
cccgacagt ttttttaac atattaactg agctggtaaa tgtattacct ggggccctaa 480
ctcaacacat tctgtactt gtaccaggaa tcattttctc actgaatgat aaatcaagct 540
catogaattt gaagatogat gctttgtcat gtctatacgt aatcctctgt aaccattctc 600
ctcaagtctt ccatactcac gttcaggctt tggttcctcc agtgggtggt tgtgttggag 660
acccatttta caaaattaca tctgaggcac ttcttgttac tcaacagctt gtcaaagtaa 720
ttcgtccttt agatcagcct tctcgtttg atgcaactcc ttatatcaaa gatctattta 780
cctgtaccat taagagatta aaagcagctg acattgatca ggaagtcaag gaaagggcta 840
tttctgtat gggacaaatt atttgcaacc ttggagacaa tttgggttct gacttgcta 900
atacaactca gattttcttg gagagactaa agaatagaat taccaggta actacagtaa 960
aggcattgac actgattgct gggtcacctt tgaagataga tttgaggcct gttctgggag 1020
aaggggttcc tatcttgct tcatttotta gaaaaaacca gagagcttg aaactgggta 1080
ctctttctgc ccttgatatt ctaataaaaa actatagtga cagcttgaca gctgcatga 1140
ttgatgcagt tctagatgag ctcccacctc ttatcagoga aagtgatag catgtttcac 1200
aaatggccat cagttttctt accactttgg caaaagtata tccctctcc ctttcaaaga 1260
taagtggatc catttcaat gaacttatg gacttgtgag atcaccctta ttgcaggggg 1320
gagctcttag tgcctagcta gactttttcc aagctctggt tgtcactgga acaataatt 1380
taggatacat ggatttgtg cgcctgctga ctggtccagt ttactctcag agcacagctc 1440
ttactcataa gcagtottat tattccattg ccaaatgtgt agctgccctt actcagcat 1500
gccctaaaga gggaccagct gtagtaggtc agtttattca agatgtcaag aactcaaggt 1560
ctacagattc catttgtctc tttagctctac tttctcttgg agaagttggg catcatattg 1620
acttaagtgg acagtiggaa ctaaaatctg taataactaga agctttctca tctcctagt 1680
aagaagtcaa atcagctgca tctatgcat tagtcagcat tagtgtgggc aaccttctg 1740
aatatctgcc gttgtcctg caagaaataa ctagtcaacc caaaaggcag tatctttac 1800
ttcattcctt gaaggaaatt attagctctg catcagtgtt gggccttaaa ccatatgtt 1860
aaaacatctg gcccttatta ctaaagcact gtgagtgtgc agaggaaaga accagaaatg 1920
ttgttgciga atgtctagga aaactcactc taattgatcc agaaactctc cttccacggc 1980
ttaaggggta cttgatatca ggctcatcat atgccgaag ctgagtgtt acggctgtga 2040
aatttacaat ttctgacct ccacaacctt ttgatccact gttaaagaac tgcataagtg 2100
atttcctaaa aactttggaa gaccagatt tgaatgtgag aagagttagc ttggtcacat 2160
ttaattcagc agcacataac aagccatcat taataaggga tctattggat actgttctc 2220
cacatcttta caatgaaaca aaagttagaa aggagcttat aagagaggta gaaatgggtc 2280
catttaaaaca tacggttgat gatggtctgg atattagaaa ggcagcattt gagtgtatgt 2340
acacacttct agacagtgt cttgatagac ttgatatctt tgaatttcta aatcatgtt 2400
aagatggttt gaaggacct tatgatatta agatgctgac atttttaatg ttggtgagac 2460
tgtctacctt ttgtccaagt gcagtactgc agaggttggg ccgacttgtt gagocattac 2520
gtgcaacatg tacaactaag gtaaaggcaa actcagtaaa gcaggagttt gaaaaacaag 2580
atgaattaaa cgcactctgc acgagagcag tagcagcact actaaccatt ccagaagcag 2640
agaagagtc actgatgagt gaattccagt cacagatcag ttctaacct gagctggcgg 2700
ctatcttga aagtatccag aaagattcat catctactaa cttggaatca atggacacta 2760

51/175

```

gttagatgtt tgttcacccat ggggaccatt acatatgacc atacaatgca ctgaattgac 2820
aggttaatca taagacatgg aaagagaagt gtctaaaagc ttcaaaatgt tccacttttt 2880
tttccttcat ggagactgtt tgtttggctt tcttccattg ttgtttttgt agcattttatt 2940
tcagaaatgt gtatttccat aatccagagg ttgtaaaacc actagtgttt tagtggttac 3000
agcaacattt gaaatggaaa ctagaagtta ggattttatg gagtatggag atagggcca 3060
gtatctatct accctgtaat gtttaggatt aaaatgttaa aattttgtga c 3111

```

<210> 45
 <211> 908
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 45

```

Met Asp Ala Asp Gly Gly Asp Asp Asp Asp Gln Gly Ser Asp Asp Glu
 1          5          10          15
Tyr Ser Asp Asp Asp Met Ser Trp Lys Val Arg Arg Ala Ala Ala
          20          25          30
Lys Cys Leu Asp Ala Val Val Ser Thr Arg His Glu Met Leu Pro Glu
          35          40          45
Phe Tyr Lys Thr Val Ser Pro Ala Leu Ile Ser Arg Phe Lys Glu Arg
          50          55          60
Glu Glu Asn Val Lys Ala Asp Val Phe His Ala Tyr Leu Ser Leu Leu
          65          70          75          80
Lys Gln Thr Arg Pro Val Gln Ser Trp Leu Cys Asp Pro Asp Ala Met
          85          90          95
Glu Gln Gly Glu Thr Pro Leu Thr Met Leu Gln Ser Gln Val Pro Asn
          100          105          110
Ile Val Lys Ala Leu His Lys Gln Met Lys Glu Lys Ser Val Lys Thr
          115          120          125
Arg Gln Cys Cys Phe Asn Ile Leu Thr Glu Leu Val Asn Val Leu Pro
          130          135          140
Gly Ala Leu Thr Gln His Ile Pro Val Leu Val Pro Gly Ile Ile Phe
          145          150          155          160
Ser Leu Asn Asp Lys Ser Ser Ser Ser Asn Leu Lys Ile Asp Ala Leu
          165          170          175
Ser Cys Leu Tyr Val Ile Leu Cys Asn His Ser Pro Gln Val Phe His
          180          185          190
Pro His Val Gln Ala Leu Val Pro Pro Val Val Ala Cys Val Gly Asp
          195          200          205
Pro Phe Tyr Lys Ile Thr Ser Glu Ala Leu Leu Val Thr Gln Gln Leu
          210          215          220
Val Lys Val Ile Arg Pro Leu Asp Gln Pro Ser Ser Phe Asp Ala Thr
          225          230          235          240
Pro Tyr Ile Lys Asp Leu Phe Thr Cys Thr Ile Lys Arg Leu Lys Ala
          245          250          255
Ala Asp Ile Asp Gln Glu Val Lys Glu Arg Ala Ile Ser Cys Met Gly
          260          265          270

```

52/175

Gln Ile Ile Cys Asn Leu Gly Asp Asn Leu Gly Ser Asp Leu Pro Asn
 275 280 285
 Thr Leu Gln Ile Phe Leu Glu Arg Leu Lys Asn Glu Ile Thr Arg Leu
 290 295 300
 Thr Thr Val Lys Ala Leu Thr Leu Ile Ala Gly Ser Pro Leu Lys Ile
 305 310 315 320
 Asp Leu Arg Pro Val Leu Gly Glu Gly Val Pro Ile Leu Ala Ser Phe
 325 330 335
 Leu Arg Lys Asn Gln Arg Ala Leu Lys Leu Gly Thr Leu Ser Ala Leu
 340 345 350
 Asp Ile Leu Ile Lys Asn Tyr Ser Asp Ser Leu Thr Ala Ala Met Ile
 355 360 365
 Asp Ala Val Leu Asp Glu Leu Pro Pro Leu Ile Ser Glu Ser Asp Met
 370 375 380
 His Val Ser Gln Met Ala Ile Ser Phe Leu Thr Leu Ala Lys Val
 385 390 395 400
 Tyr Pro Ser Ser Leu Ser Lys Ile Ser Gly Ser Ile Leu Asn Glu Leu
 405 410 415
 Ile Gly Leu Val Arg Ser Pro Leu Leu Gln Gly Gly Ala Leu Ser Ala
 420 425 430
 Met Leu Asp Phe Phe Gln Ala Leu Val Val Thr Gly Thr Asn Asn Leu
 435 440 445
 Gly Tyr Met Asp Leu Leu Arg Met Leu Thr Gly Pro Val Tyr Ser Gln
 450 455 460
 Ser Thr Ala Leu Thr His Lys Gln Ser Tyr Tyr Ser Ile Ala Lys Cys
 465 470 475 480
 Val Ala Ala Leu Thr Arg Ala Cys Pro Lys Glu Gly Pro Ala Val Val
 485 490 495
 Gly Gln Phe Ile Gln Asp Val Lys Asn Ser Arg Ser Thr Asp Ser Ile
 500 505 510
 Arg Leu Leu Ala Leu Leu Ser Leu Gly Glu Val Gly His His Ile Asp
 515 520 525
 Leu Ser Gly Gln Leu Glu Leu Lys Ser Val Ile Leu Glu Ala Phe Ser
 530 535 540
 Ser Pro Ser Glu Glu Val Lys Ser Ala Ala Ser Tyr Ala Leu Gly Ser
 545 550 555 560
 Ile Ser Val Gly Asn Leu Pro Glu Tyr Leu Pro Phe Val Leu Gln Glu
 565 570 575
 Ile Thr Ser Gln Pro Lys Arg Gln Tyr Leu Leu Leu His Ser Leu Lys
 580 585 590
 Glu Ile Ile Ser Ser Ala Ser Val Val Gly Leu Lys Pro Tyr Val Glu
 595 600 605
 Asn Ile Trp Ala Leu Leu Leu Lys His Cys Glu Cys Ala Glu Glu Gly
 610 615 620
 Thr Arg Asn Val Val Ala Glu Cys Leu Gly Lys Leu Thr Leu Ile Asp
 625 630 635 640
 Pro Glu Thr Leu Leu Pro Arg Leu Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Gly Ser
 645 650 655

53/175

Ser Tyr Ala Arg Ser Ser Val Val Thr Ala Val Lys Phe Thr Ile Ser
 660 665 670
 Asp His Pro Gln Pro Ile Asp Pro Leu Leu Lys Asn Cys Ile Gly Asp
 675 680 685
 Phe Leu Lys Thr Leu Glu Asp Pro Asp Leu Asn Val Arg Arg Val Ala
 690 695 700
 Leu Val Thr Phe Asn Ser Ala Ala His Asn Lys Pro Ser Leu Ile Arg
 705 710 715 720
 Asp Leu Leu Asp Thr Val Leu Pro His Leu Tyr Asn Glu Thr Lys Val
 725 730 735
 Arg Lys Glu Leu Ile Arg Glu Val Glu Met Gly Pro Phe Lys His Thr
 740 745 750
 Val Asp Asp Gly Leu Asp Ile Arg Lys Ala Ala Phe Glu Cys Met Tyr
 755 760 765
 Thr Leu Leu Asp Ser Cys Leu Asp Arg Leu Asp Ile Phe Glu Phe Leu
 770 775 780
 Asn His Val Glu Asp Gly Leu Lys Asp His Tyr Asp Ile Lys Met Leu
 785 790 795 800
 Thr Phe Leu Met Leu Val Arg Leu Ser Thr Leu Cys Pro Ser Ala Val
 805 810 815
 Leu Gln Arg Leu Asp Arg Leu Val Glu Pro Leu Arg Ala Thr Cys Thr
 820 825 830
 Thr Lys Val Lys Ala Asn Ser Val Lys Gln Glu Phe Glu Lys Gln Asp
 835 840 845
 Glu Leu Lys Arg Ser Ala Thr Arg Ala Val Ala Ala Leu Leu Thr Ile
 850 855 860
 Pro Glu Ala Glu Lys Ser Pro Leu Met Ser Glu Phe Gln Ser Gln Ile
 865 870 875 880
 Ser Ser Asn Pro Glu Leu Ala Ala Ile Phe Glu Ser Ile Gln Lys Asp
 885 890 895
 Ser Ser Ser Thr Asn Leu Glu Ser Met Asp Thr Ser
 900 905

<210> 46

<211> 1599

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (156).. (623)

<400> 46

agtagccgcc tctgccgcc cggagcttcc ogaaccttt cagccgcccg gagccgctcc 60
 cggagcccg cgttagaggc tgcaatcgca gccgggagcc cgcagcccg gcccagagcc 120
 cgccgccgcc cttcgagggc gcccaggcc gcgccatggt gaaggtgacg ttcaactcgc 180
 ctctggccca gaaggaggcc aagaaggacg agcccaagag cggcaggag gcgctcatca 240

54/175

```

tccccccoga cgccgtcgcg gtggactgca aggaccacaga tgatgtggta ccagttggcc 300
aaagaagagc ctgggtgttg tgcatgtgct ttggactagc atttatgctt gcaggtgta 360
ttotaggagg agcatacttg tacaatatt ttgoacttca accagatgac gtgtactact 420
gtggaataaa gtacatcaaa gatgatgtca tottaaatga gccctctgca gatgccccag 480
ctgctctcta ccagacaatt gaagaaaata ttaaaatctt tgagaagaag aagttgaatt 540
tatcagtgtg cctgtcccag agtttgcaga tagtgatcct gccaacattg ttcatgactt 600
taacaagaaa cttacagcct atttagatct taacctggat aagtgcctat tgatccctot 660
gaacacttcc attgttatgc caccagaaa cctactggag ttacttatta acatcaaggc 720
tggaacctat ttgcctcagt cctatctgat tcatgagcac atggttatta ctgatcgcat 780
tgaaaacatt gatcacctgg gtttctttat ttatcgactg tgcctatgaca aggaaactta 840
caaaactgcaa cgcagagaaa ctattaaagg tattcagaaa cgtgaagcca gcaattgttt 900
cgcaattcgg cattttgaaa acaaatgtgc cgtggaaact ttaatttggt cttgaacagt 960
caagaaaaaac attattgagg aaaattaata tcacagcata accccaccct ttacattttg 1020
tgcagtgatt attttttaa gtotctttc atgtaagtag caaacagggc ttactatct 1080
tttcatctca ttaattcaat taaaaccatt accttaaaat tttttcttt cgaagtgtgg 1140
tgtcttttat atttgaatta gtaactgtat gaagtcatag ataatagtac atgtcacctt 1200
aggtagtagg aagaattaca atttctttta atcatttato tggattttta tgttttatta 1260
gcattttcaa gaagacggat tatctagaga ataatcatat atatgcatac gtaaaaatgg 1320
accacagtga cttatttgta gttgttagtt gccctgtcac ctagtttggt agtgcatttg 1380
agcacacatt itaattttcc totaattaaa atgtgcagta ttttcaatgt caaatatatt 1440
taactattta gagaatgatt tccaccttta tgttttaata tccctaggcat ctgctgtaat 1500
aatatttttag aaaatgtttg gaatttaaga aataacttgt gttactaatt tgtataaacc 1560
atatctgtgc aatggaatat aaatatcaca aagttgttt 1599

```

<210> 47

<211> 156

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

```

Met Val Lys Val Thr Phe Asn Ser Ala Leu Ala Gln Lys Glu Ala Lys
1      5      10      15
Lys Asp Glu Pro Lys Ser Gly Glu Glu Ala Leu Ile Ile Pro Pro Asp
20     25     30
Ala Val Ala Val Asp Cys Lys Asp Pro Asp Asp Val Val Pro Val Gly
35     40     45
Gln Arg Arg Ala Trp Cys Trp Cys Met Cys Phe Gly Leu Ala Phe Met
50     55     60
Leu Ala Gly Val Ile Leu Gly Gly Ala Tyr Leu Tyr Lys Tyr Phe Ala
65     70     75     80
Leu Gln Pro Asp Asp Val Tyr Tyr Cys Gly Ile Lys Tyr Ile Lys Asp
85     90     95
Asp Val Ile Leu Asn Glu Pro Ser Ala Asp Ala Pro Ala Ala Leu Tyr
100    105    110
Gln Thr Ile Glu Glu Asn Ile Lys Ile Phe Glu Lys Lys Lys Leu Asn
115    120    125
Leu Ser Val Cys Leu Ser Gln Ser Leu Gln Ile Val Ile Leu Pro Thr

```

55/175

130 135 140
 Leu Phe Met Thr Leu Thr Arg Asn Leu Gln Pro Ile
 145 150 155

<210> 48
 <211> 3733
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (20).. (1000)

<400> 48

```

agcggcgggc aggcggggca tggcgtccat ggcggcggcg atcggcgctt cgcgctcggc 60
ggatcatgagc gggaaacggc ctctggacga cgggagcgga aagcgcttca cttacttctc 120
gtcgtgagc cccatggcca ggaagatcat gcaggacaag gagaagatcc gcgagaagta 180
cgggcccag tggcgcgggc tgccgccgc gcagcaggac gagatcatcg accggtgcct 240
ggtggggcgc cgcgcccgg cgcccggaga cccgggggac tcggaggagc tcaogcgctt 300
ccccggcttg cgcgggcccc cgggccagaa ggttggtgcgc ttgggggacg aggatctaac 360
ttggcaagat gagcactctg cccctttctc ctgggaaaca aagagtcaga tggagttcag 420
tatctccgcc ctatccatcc aggagccgag caacggcacc gccgccagcg agcccagacc 480
actgtccaaa gcttcccagg gctcccaggc cctcaagtcc tcccaaggca goaggtcctc 540
cagcctggac gccctgggccc ccaccaggaa ggaggaggaa gcgtcattct ggaagatcaa 600
tgctgagcgg tcccgagggg aggggcctga ggcgagttc cagtcgctga cccctagcca 660
gatcaagtcc atggagaagg gggaaaaggc cttgcctccc tgctaccggc aggaacctgc 720
ccgaaggac agggaggcca aggtggaaag gccagcacc ctccgtcagg agcagcgctc 780
tcttcccaac gtgagcaccg aacgtgagag accccagcct gtccaggcct tcagcagtcg 840
actgcacgag gctgccccct cccagctcga ggggaagctg ccatctcctg atgtcaggca 900
ggacgatggg gaagacaccc tgttctcgga acccaagttt gcacaggta gotcaagtaa 960
tgtcgtcttg aagacgggat ttgattttct ggacaattgg taaaatgtat tagaaaaata 1020
caatgaagaa ccttaaaatg ttttccaaag tgggtgtgtg gaggaggata aaaagggcca 1080
ccttttccta tgtattttac tggttcttg acactotttt cttaatcctc tggaaactgg 1140
tcaatattgc cagatttttt tcttttttg tagaaccaga tataatgtct attttcagtg 1200
atttgataac agaagttttc catttggaat ttttaaggtc tgtaataat tcaggagatc 1260
ttgtaaataa aacttctgtt cccagctcca cccaactttc cccctcctca aaggatgtgt 1320
ttcaaccatg tcacaaaaat catataagtg atttccatct ccttctccat tattcccoot 1380
ccccctccg ctttttaccg tatgggttcc ttttggtggg tgattgaggg tgatgttatc 1440
agccatgaca tcagcatgct ggctgtgacc cgggaaagac tggccccag cgacgttctc 1500
agccagcgct cgcagctgtc oggggcttct ctggcagaag ccatgtctct cacatcatgt 1560
gccagcctcc accctcacgc catttcagg gaacagactg cgggtatgta gcagtgtagt 1620
ctttaacctg ctctgataca tattcagagt atggattgtt gtttaaaaag agttgcatgt 1680
ttaagagtt ttgtaactago ttttcattat tttgtatcta gattatcaac aatggggcta 1740
ccactttcct tggttttata tccatttcct cttggaagtt ctgtgtgctt atgtgacctg 1800
ttggttggtc cccggactgg gcacctacag gagtcagggc agacggcaga tgtggctgga 1860
ggtcagggct cttctgctta gttgtgttag agtcttcag catgggactg atgggagcag 1920
tgggcattct ttaaccacag ggctagccag gttgcgtcat gacggacott cccagccct 1980

```

56/175

```

gaccaccacc agaagtggaa gaggaggatt tgcgggtcaac tcagcagtcg ccatggagac 2040
ctgcgtgggtg tcagagcagc agtatctctt ggagctgggtg cagacaccâa ggctgcccag 2100
tggtacaaog tgggccacct cccctaggga agctgotgca ctcagaggct gtctgtccca 2160
gtggcccttg agccgtgtga gcctgcagga ggctgtctag cagagcctca agcccgggtat 2220
ggcgccatct ccatgttgcc atcactgcgt tctcacctga agccttaate tttgcgacac 2280
ctgccagtga gcgctcgggt tcaataccaa agtgtgtctt cttctttttt ttttttttaa 2340
atgcctgttt cataggacct tctgaaatga tttccagaat attttatctg gtcctcaaat 2400
aaagcacata gcaactcacc tcaacccctc atcatctcca ggaaagtctc tgccaaagct 2460
gtggcatagc caacttttga tttggttctt gccaatgttt ttatgtccct aaacctcatt 2520
tggtatccttg ggggtatagtt ttatctttct gcttcagtga ttactgttaa cttttcaaat 2580
attggttctt tctgtacctt ttaagtatag ttgatatatg tgaggcaaaa aaaggtttca 2640
gcatgttggt gagggaâaaa ggagcttaga aatcccagtt ggcacagcct gggcaagcgc 2700
cagctccctt cagggtctaac ggcactgttc acacagggat cctcagaate agcggccacc 2760
tgctccacc ttctgccttg agggcatggg gctgtttagt aacctatggt agcaaatgta 2820
tatgtatgag tttgtattct gtagtgttgg ttagtcacag aagaaagacc tgtgtcctag 2880
agagtaggac aaggtgatct gcctcttcta ttgggagaaa ttctaatttc tttccactt 2940
tctcaacaag cccaatattc cctccaagtt cttcttggtg ctgagggtg taggaattat 3000
tgaaagcttc tgctcactt agtatcgtct ggggccagc acccagcaat aactctaata 3060
atgtttctta atggtatagc ctcttgagat taaatgtaaa atcaaaaatt aggaaatctt 3120
ggaggagtc ctcaagttgt attgctttgc tgtgcttttg gaagaaggga cgacctggag 3180
gacacaggct cctgtgtggg tcttcactct gcctgacggg cagatcttcc tctacactt 3240
gggcaaatgc tatgcgaaga tggtttctta gctctocatt tgccatgatt ttcttccat 3300
tcactatgag ggagtttctc aaaccaggag tttatattta ttttttagaa aatacacact 3360
tttcaggaga aacctgagca tgattttgga ttctccacct ccccccagtc tctgcacctg 3420
ggattcagct caaggattca gtgtcttcat ttttacaaaa gtcccccaa gaaatcagca 3480
accagcctct gtttcatctg ggagccctc ccttgccccc ctgggttttg ggggtgtgcc 3540
ctactgggaa cagcgggggt ctgtcaccog tctgagcgcg accccctgt gtggatttca 3600
ggaagagcct ccttttctt gcgtctcctt ttctttaatt aacattttca aaagtaataa 3660
attcttactg acgacttgta acttagtcat attttatact ttagtcctt aataaagcca 3720
tttaaaaaat gct 3733

```

<210> 49

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

```

Met Ala Ser Met Ala Ala Ile Ala Ala Ser Arg Ser Ala Val Met
 1           5           10          15
Ser Gly Asn Arg Pro Leu Asp Asp Arg Glu Arg Lys Arg Phe Thr Tyr
      20           25           30
Phe Ser Ser Leu Ser Pro Met Ala Arg Lys Ile Met Gln Asp Lys Glu
      35           40           45
Lys Ile Arg Glu Lys Tyr Gly Pro Glu Trp Ala Arg Leu Pro Pro Ala
      50           55           60
Gln Gln Asp Glu Ile Ile Asp Arg Cys Leu Val Gly Pro Arg Ala Pro
      65           70           75           80

```

57/175

Ala Pro Arg Asp Pro Gly Asp Ser Glu Glu Leu Thr Arg Phe Pro Gly
 85 90 95
 Leu Arg Gly Pro Thr Gly Gln Lys Val Val Arg Phe Gly Asp Glu Asp
 100 105 110
 Leu Thr Trp Gln Asp Glu His Ser Ala Pro Phe Ser Trp Glu Thr Lys
 115 120 125
 Ser Gln Met Glu Phe Ser Ile Ser Ala Leu Ser Ile Gln Glu Pro Ser
 130 135 140
 Asn Gly Thr Ala Ala Ser Glu Pro Arg Pro Leu Ser Lys Ala Ser Gln
 145 150 155 160
 Gly Ser Gln Ala Leu Lys Ser Ser Gln Gly Ser Arg Ser Ser Ser Leu
 165 170 175
 Asp Ala Leu Gly Pro Thr Arg Lys Glu Glu Glu Ala Ser Phe Trp Lys
 180 185 190
 Ile Asn Ala Glu Arg Ser Arg Gly Glu Gly Pro Glu Ala Glu Phe Gln
 195 200 205
 Ser Leu Thr Pro Ser Gln Ile Lys Ser Met Glu Lys Gly Glu Lys Val
 210 215 220
 Leu Pro Pro Cys Tyr Arg Gln Glu Pro Ala Pro Lys Asp Arg Glu Ala
 225 230 235 240
 Lys Val Glu Arg Pro Ser Thr Leu Arg Gln Glu Gln Arg Pro Leu Pro
 245 250 255
 Asn Val Ser Thr Glu Arg Glu Arg Pro Gln Pro Val Gln Ala Phe Ser
 260 265 270
 Ser Ala Leu His Glu Ala Ala Pro Ser Gln Leu Glu Gly Lys Leu Pro
 275 280 285
 Ser Pro Asp Val Arg Gln Asp Asp Gly Glu Asp Thr Leu Phe Ser Glu
 290 295 300
 Pro Lys Phe Ala Gln Val Ser Ser Ser Asn Val Val Leu Lys Thr Gly
 305 310 315 320
 Phe Asp Phe Leu Asp Asn Trp
 325

<210> 50

<211> 1881

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (141).. (1214)

<400> 50

ttttgatgag cgggatcttc aatattcatg ttattttctc ctttggctctt atatgattgt 60
 tacctttatg aagcttttagt gattacaaag cacttttttt gtccattttt acctgagctt 120
 tgtaaactct gatttgcagg atggctggct gtggtgaaat tgatcattca ataaacatgc 180
 ttctacaaa caggaaagcg aacgagtcct gttctaatac tgcaccttct ttaacogtcc 240

58/175

```

ctgaatgtgc catttgtctg caaacatgtg ttcattccagt cagtctgccc tgtaagcacg 300
ttttctgcta tctatgtgta aaaggagctt catggcttgg aaagogggtgt gctcttcgtc 360
gacaagaaat tcccagggat ttcttgcaca agccaacctt gttgtcacca gaagaactca 420
aggcagcaag tagaggaaat ggtgaatatg catggtatta tgaaggaaga aatgggtggt 480
ggcagtagca tgagcgcaact agtagagagc tggagatgc tttttccaaa ggtaaaaaga 540
aactgaaat gttaattgtt ggctttctgt atgtcgtcga tcttgaaaac atggttcaat 600
ataggagaaa tgaacatgga cgtcgcagga agattaagcg agatataata gatataccaa 660
agaagggagt agctggactt aggctagact gtgatgctaa taccgtaaac ctagcaagag 720
agagctctgc tgacggagcg gacagtgtat cagcacagag tggagcttct gttcagcccc 780
tagtgttttc tgtaaggccc ctaacatcag tagatggtca gtcaacaagc cctgcaacac 840
catcccctga tgcaagcaact tctctggaag actcttttgc tcatttacaa ctgagtggag 900
acaacacagc tgaaggaggt cataggggag aaggagaaga agatcatgaa tcaccatctt 960
caggcagggt accagcacca gacacctcca ttgaagaaac tgaatcagat gccagtagtg 1020
atagttagga tgtatctgca gttgttgca agcaactctt gacccaacag agacttttgg 1080
tttctaattg aaaccagaca gtacccgacg gatcagatcg attgggaact gatcgatcag 1140
tagcaggggg tggaacagtg agtgtcagtg tcgatctag aaggcctgat ggacagtgca 1200
cagtaactga agtttaaata aaaatgtctt cagctccatg ctcaaggttg aaagggttac 1260
ctgtaaatth ctgcccacat aacattatac tcatccctag tagtgcattt tgggagtttg 1320
ggtgggaagg ggtatgggaa gtagagactc ataattaaaa tgtctaacat gtctctgttg 1380
agaaatttat ttaatgtaag gaacttgggt gtaatatgtt gagagctgtt tagtaataac 1440
cagttttctt tgaggctgtt ttactttata ctttttaaaa acttctgtag ttcttttggc 1500
cagtgtgttt gtattatctg tgcattaatg gtctcctct gactcctgca ttgtgtctta 1560
ttttctgca tggattggca taagaccatt actaaaattt ggcacctgtg agatgtttga 1620
tattatgaac aggaacata atttaatgta tgaatagatg tgaatttggg atttcaaaat 1680
agatgaataa caactattht atagtaaagt tattgaaatg gaaatgaaaa cagccagtaa 1740
cttatgtttc agaatgtttg taacacactt catggtgttc ccataggctt tgctgtctag 1800
tcttatagtt tgaggttttt ttggtctgca tttttottht tgattacaaa atttataatt 1860
taataaatac tagagtttat c 1881

```

<210> 51

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

```

Met Ala Gly Cys Gly Glu Ile Asp His Ser Ile Asn Met Leu Pro Thr
 1           5           10           15
Asn Arg Lys Ala Asn Glu Ser Cys Ser Asn Thr Ala Pro Ser Leu Thr
 20          25          30
Val Pro Glu Cys Ala Ile Cys Leu Gln Thr Cys Val His Pro Val Ser
 35          40          45
Leu Pro Cys Lys His Val Phe Cys Tyr Leu Cys Val Lys Gly Ala Ser
 50          55          60
Trp Leu Gly Lys Arg Cys Ala Leu Arg Arg Gln Glu Ile Pro Glu Asp
 65          70          75          80
Phe Leu Asp Lys Pro Thr Leu Leu Ser Pro Glu Glu Leu Lys Ala Ala
 85          90          95

```

59/175

Ser Arg Gly Asn Gly Glu Tyr Ala Trp Tyr Tyr Glu Gly Arg Asn Gly
 100 105 110
 Trp Trp Gln Tyr Asp Glu Arg Thr Ser Arg Glu Leu Glu Asp Ala Phe
 115 120 125
 Ser Lys Gly Lys Lys Asn Thr Glu Met Leu Ile Ala Gly Phe Leu Tyr
 130 135 140
 Val Ala Asp Leu Glu Asn Met Val Gln Tyr Arg Arg Asn Glu His Gly
 145 150 155 160
 Arg Arg Arg Lys Ile Lys Arg Asp Ile Ile Asp Ile Pro Lys Lys Gly
 165 170 175
 Val Ala Gly Leu Arg Leu Asp Cys Asp Ala Asn Thr Val Asn Leu Ala
 180 185 190
 Arg Glu Ser Ser Ala Asp Gly Ala Asp Ser Val Ser Ala Gln Ser Gly
 195 200 205
 Ala Ser Val Gln Pro Leu Val Ser Ser Val Arg Pro Leu Thr Ser Val
 210 215 220
 Asp Gly Gln Ser Thr Ser Pro Ala Thr Pro Ser Pro Asp Ala Ser Thr
 225 230 235 240
 Ser Leu Glu Asp Ser Phe Ala His Leu Gln Leu Ser Gly Asp Asn Thr
 245 250 255
 Ala Glu Arg Ser His Arg Gly Glu Gly Glu Glu Asp His Glu Ser Pro
 260 265 270
 Ser Ser Gly Arg Val Pro Ala Pro Asp Thr Ser Ile Glu Glu Thr Glu
 275 280 285
 Ser Asp Ala Ser Ser Asp Ser Glu Asp Val Ser Ala Val Val Ala Gln
 290 295 300
 His Ser Leu Thr Gln Gln Arg Leu Leu Val Ser Asn Ala Asn Gln Thr
 305 310 315 320
 Val Pro Asp Arg Ser Asp Arg Leu Gly Thr Asp Arg Ser Val Ala Gly
 325 330 335
 Gly Gly Thr Val Ser Val Ser Val Arg Ser Arg Arg Pro Asp Gly Gln
 340 345 350
 Cys Thr Val Thr Glu Val
 355

<210> 52

<211> 1824

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (208)..(1824)

<400> 52

gtgatccggg gagacaggaa cacgggcaag acagcgtgt gccaccgcot gcagggccgg 60
 ccgttcgtgg aggagtacat cccacacag gagatccagg tcaccagcat ccactggagc 120

60/175

tacaagacca cggatgacat cgtgaaggtt gaagtctggg atgtagtaga caaaggaaaa 180
 tgcaaaaagc gaggcgacgg cttaaagatg gagaacgacc cccaggaggc ggagtctgaa 240
 atggcccttg atgctgagtt cctggaogtg tacaagaact gcaacggggt ggtcatgatg 300
 ttcgacatta ccaagcagtg gaccttcaat tacattctcc gggagcttcc aaaagtgcc 360
 acccacgtgc cagtgtgcgt gctgggggaa taccggggaca tgggcgagca ccgagtcac 420
 ctgccggagc acgtgcgtga cttcatcgac aacctggaca gacctccagg ttctctctac 480
 ttccgctatg ctgagtcttc catgaagaac agcttcggcc taaagtaoct tcataagttc 540
 ttcaatatcc catctttgca gcttcagagg gagacgctgt tgcggcagct ggagacgaac 600
 cagctggaca tggacgccac gctggaggag ctgtcgggtgc agcaggagac ggaggaccag 660
 aactacggca tcttcttgga gatgatggag gctogoagcc gtggccatgc gtccccactg 720
 gcggctaacg ggcagagccc atccccgggc tcccagtcac cagtgggtgc tgcaggcgct 780
 gtgtccaagg ggagctccag ccccggcaca ccccagcccg cccacagct gcccctcaat 840
 gctgccccac catctctgtt gccccctgta ccacctcoag aggccctgcc cccacctgag 900
 tgccccctag cccccgccc. acggcgacgc atcatctcta ggctgtttgg gacgtcacct 960
 gccaccgagg cagccccctc acctccagag ccagtcocgg ccgcacaggc cccagcaacg 1020
 gtccagagtg tggaggactt tgttctgac gaccgcctgg accgcagctt cctggaagac 1080
 acaacccccg ccagggaaga gaagaaggtg ggggcaaagg ctgcccagca ggacagcgac 1140
 agtcatgggg aggccctggg cggcaacccg atggtggcag ggttccagga cgatgtggac 1200
 ctgcaagacc agccacgtgg gagtcccccg ctgcctgcag gcccgtccc cagtcaagac 1260
 atcactcttt cgagttagga ggaagcagaa gtggcagctc ccacaaaagg cctgccccca 1320
 gctccccagc agtgcctaga gccagagacc aagtggctct ccataccagc ttogaagcca 1380
 cggaggggga cagctccac gaggaccgca gcacccccct ggccaggcgg tgtctctgtt 1440
 cgcacaggtc cggagaagcg cagcagcacc aggcccccct ctgagatgga gccggggaag 1500
 ggtgagcagg cctctctgtc ggagagtgc cccgaggggac ccattgctgc acaaattgctg 1560
 tccttcgtca tggatgaccc cgactttgag agcgagggat cagacacaca gcgcagggcg 1620
 gatgactttc cgtgcgaga tgacctctcc gatgtgactg acgaggatga gggccctgcc 1680
 gagccgccc cccccccaa gctccctctc cccgccttca gactgaagaa tgactcgac 1740
 ctcttcgggc tggggtgga ggaggccgga ccaaggaga gcagttagga aggtaaggag 1800
 ggcaaaacc cctctaagga gaag 1824

<210> 53

<211> 539

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Met Glu Asn Asp Pro Gln Glu Ala Glu Ser Glu Met Ala Leu Asp Ala
 1 5 10 15
 Glu Phe Leu Asp Val Tyr Lys Asn Cys Asn Gly Val Val Met Met Phe
 20 25 30
 Asp Ile Thr Lys Gln Trp Thr Phe Asn Tyr Ile Leu Arg Glu Leu Pro
 35 40 45
 Lys Val Pro Thr His Val Pro Val Cys Val Leu Gly Asn Tyr Arg Asp
 50 55 60
 Met Gly Glu His Arg Val Ile Leu Pro Asp Asp Val Arg Asp Phe Ile
 65 70 75 80
 Asp Asn Leu Asp Arg Pro Pro Gly Ser Ser Tyr Phe Arg Tyr Ala Glu

62/175

465 470 475 480
 Ser Asp Val Thr Asp Glu Asp Glu Gly Pro Ala Glu Pro Pro Pro Pro
 485 490 495
 Pro Lys Leu Pro Leu Pro Ala Phe Arg Leu Lys Asn Asp Ser Asp Leu
 500 505 510
 Phe Gly Leu Gly Leu Glu Glu Ala Gly Pro Lys Glu Ser Ser Glu Glu
 515 520 525
 Gly Lys Glu Gly Lys Thr Pro Ser Lys Glu Lys
 530 535

<210> 54
 <211> 1518
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (8).. (1432)

<400> 54

gtatgctatg gatgcctttg taggaacctat ttggagcatg gctgccagcc ccagtggtc 60
 tcaacttttg gttggttgatg aagatggatc tttgaaacta ttcaaatta cccagacaa 120
 aatccagttt gaaagaaatt ttgatoggca gaaaagtgc atcctgagtc tcagctggca 180
 tccctctggt acccacattg cagctggttc catagactac attagtgtgt ttgatgtcaa 240
 atcaggcagc gctgttcata agatgattgt ggacaggcag tatatgggag tgtctaagcg 300
 gaagtgcacg gtgtgggggtg tcgccttctt gtccgatggc actatcataa gtgtggactc 360
 tgcgtgggaag gtgcagttct gggactcagc cactgggagc cttgtgaaga gccatctcat 420
 cgctaattgt gacgtgcagt ccattgctgt agctgaccaa gaagacagtt tcgtgggtgg 480
 cacagccgag ggaacagttt tccattttca gctggtccct gtgacatcta acagcagtga 540
 gaagcagtggt gtgcggacaa aaccgttcca gcatacaact catgacgtgc gcactgttgc 600
 ccacagccca acagcggtga tatctggagg cactgacacc caattagtct ttcttctct 660
 catggagaag gtggaagtaa agaattacga tgcgctcttc cgaataatca cctttcccca 720
 cogatgtctc atctcctgtt ctaaaaagag gcagcttctc ctcttccagt ttgtctatca 780
 cttagaactt tggcgactgg gatccacagt tgcaacagga acagtgagg ccattgtgt 840
 tttggcagtc agtccagatg ggaattggct agctgcatca ggtaccagt ctggagtcca 900
 tgtctacaac gtaaaacagc taaagcttca ctgcaagggt cctgcttaca atttccagt 960
 gactgotatg gctattgccc ccaataccaa caaccttgct atogctcatt cggaccagca 1020
 ggtatttgag tacagcatcc cagacaaaca gtatacagat tggagccgga ctgtccagaa 1080
 gcagggtctt caccacctt ggctccaaag ggatactcct atcacacaca tcagttttca 1140
 tccaagaga cogatgcaca tctttctcca tgatgcctac atgttctgca tcattgacaa 1200
 gtcatgccc ctccaaaatg acaaaaacct actctacaat ccatttctc ccacgaatga 1260
 atcagatgtc atccggaggc gcacagctca tgccttttaa atttctaaga tatataagcc 1320
 tctactcttc atggatcttt tggatgaaag aacactcgtg gcagtagaac ggctcttgga 1380
 tgacatcatt gtcagctcc caccacccat taaaagaag aaatttgaa cctaaaacag 1440
 ggcactgtct gtgtccttcc ttgaactgtc taccctgttg cttttcaca atcatggtaa 1500
 taaaacaagt tattcttg 1518

63/175

<210> 55
 <211> 475
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 55

Met	Asp	Ala	Phe	Val	Gly	Pro	Ile	Trp	Ser	Met	Ala	Ala	Ser	Pro	Ser
1				5					10					15	
Gly	Ser	Gln	Leu	Leu	Val	Gly	Cys	Glu	Asp	Gly	Ser	Val	Lys	Leu	Phe
		20						25					30		
Gln	Ile	Thr	Pro	Asp	Lys	Ile	Gln	Phe	Glu	Arg	Asn	Phe	Asp	Arg	Gln
		35					40					45			
Lys	Ser	Arg	Ile	Leu	Ser	Leu	Ser	Trp	His	Pro	Ser	Gly	Thr	His	Ile
	50					55					60				
Ala	Ala	Gly	Ser	Ile	Asp	Tyr	Ile	Ser	Val	Phe	Asp	Val	Lys	Ser	Gly
65					70					75					80
Ser	Ala	Val	His	Lys	Met	Ile	Val	Asp	Arg	Gln	Tyr	Met	Gly	Val	Ser
				85					90					95	
Lys	Arg	Lys	Cys	Ile	Val	Trp	Gly	Val	Ala	Phe	Leu	Ser	Asp	Gly	Thr
		100					105						110		
Ile	Ile	Ser	Val	Asp	Ser	Ala	Gly	Lys	Val	Gln	Phe	Trp	Asp	Ser	Ala
	115						120					125			
Thr	Gly	Thr	Leu	Val	Lys	Ser	His	Leu	Ile	Ala	Asn	Ala	Asp	Val	Gln
	130					135					140				
Ser	Ile	Ala	Val	Ala	Asp	Gln	Glu	Asp	Ser	Phe	Val	Val	Gly	Thr	Ala
145					150					155					160
Glu	Gly	Thr	Val	Phe	His	Phe	Gln	Leu	Val	Pro	Val	Thr	Ser	Asn	Ser
				165					170					175	
Ser	Glu	Lys	Gln	Trp	Val	Arg	Thr	Lys	Pro	Phe	Gln	His	His	Thr	His
		180						185					190		
Asp	Val	Arg	Thr	Val	Ala	His	Ser	Pro	Thr	Ala	Leu	Ile	Ser	Gly	Gly
	195						200					205			
Thr	Asp	Thr	His	Leu	Val	Phe	Arg	Pro	Leu	Met	Glu	Lys	Val	Glu	Val
	210					215					220				
Lys	Asn	Tyr	Asp	Ala	Ala	Leu	Arg	Lys	Ile	Thr	Phe	Pro	His	Arg	Cys
225				230						235					240
Leu	Ile	Ser	Cys	Ser	Lys	Lys	Arg	Gln	Leu	Leu	Leu	Phe	Gln	Phe	Ala
				245					250				255		
His	His	Leu	Glu	Leu	Trp	Arg	Leu	Gly	Ser	Thr	Val	Ala	Thr	Gly	Thr
		260						265					270		
Val	Glu	Ala	Met	Cys	Leu	Leu	Ala	Val	Ser	Pro	Asp	Gly	Asn	Trp	Leu
	275						280					285			
Ala	Ala	Ser	Gly	Thr	Ser	Ala	Gly	Val	His	Val	Tyr	Asn	Val	Lys	Gln
	290					295					300				
Leu	Lys	Leu	His	Cys	Thr	Val	Pro	Ala	Tyr	Asn	Phe	Pro	Val	Thr	Ala
305				310						315					320
Met	Ala	Ile	Ala	Pro	Asn	Thr	Asn	Asn	Leu	Val	Ile	Ala	His	Ser	Asp

64/175

	325		330		335
Gln Gln Val Phe Glu Tyr Ser Ile Pro Asp Lys Gln Tyr Thr Asp Trp					
	340		345		350
Ser Arg Thr Val Gln Lys Gln Gly Phe His His Leu Trp Leu Gln Arg					
	355		360		365
Asp Thr Pro Ile Thr His Ile Ser Phe His Pro Lys Arg Pro Met His					
	370		375		380
Ile Leu Leu His Asp Ala Tyr Met Phe Cys Ile Ile Asp Lys Ser Leu					
385		390		395	400
Pro Leu Pro Asn Asp Lys Thr Leu Leu Tyr Asn Pro Phe Pro Pro Thr					
	405		410		415
Asn Glu Ser Asp Val Ile Arg Arg Arg Thr Ala His Ala Phe Lys Ile					
	420		425		430
Ser Lys Ile Tyr Lys Pro Leu Leu Phe Met Asp Leu Leu Asp Glu Arg					
	435		440		445
Thr Leu Val Ala Val Glu Arg Pro Leu Asp Asp Ile Ile Ala Gln Leu					
	450		455		460
Pro Pro Pro Ile Lys Lys Lys Phe Gly Thr					
465		470		475	

<210> 56

<211> 2176

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26).. (709)

<400> 56

```

cggggtttct ggcgaggagg cgcgatgca gccgggcttc cccgagaacc tgagcaagot 60
gaagagcctc ctgaccacgc tccgcgccga ggacttgaac atcgcccgcg gcaaggccac 120
actgcagccg ctgccgccca acctgcgcgc agtcacctac atgcacatct acgagacgga 180
cggcttcagc ctggcggtgt tctgtctcaa gagcggcagc tcoatccgcg tgcaogacca 240
cccgggcatg caccgcatgc tcaaggtgct gtacggcacc gtgcgcatca gctgcatgga 300
caagctagac gcggggcgcg ggcaacggcc gcgggccttg ccgcccgagc agcagttcga 360
gcccgcgctg cagccccggg agcgagaagc cgtgcggcgc ggctgtgtgc gttcgggggc 420
cgagtacacc gaggccagcg gccctgcat cctcacaccg caccgggaca acctgcacca 480
gatcgacgcc gtggaagggc ctgccgcctt cctggacatc ctggcccgcg cctacgaccc 540
ggacgatggc cgggactgcc actattaccg ggtgtctggag ccggtcaggc ccaaggaggc 600
ctocagctog gcctgtgacc tgcctcgaga ggtgtggctc ctggagaacc cacaggccga 660
tgacttctgg tgcgagggag aacctatcc aggtcccaag gtcttccctt gaagccactg 720
gcgcccagga gcggtgggac gaagacgtgc cctaccctac cacaagggtt gtgtctctac 780
cccctagcct gggcggttga totactggaa tgagcagcag ccgttctcgc ggcagccttg 840
ggaagcacgg gcgactggac agcagccgac gggcacggtt atggggggcg ggtggggcgg 900
gaggctagat tgtttcctgg tactgtcact gccactgggg ctttgatttg gaggaaatgg 960
gcaggggact atctgaagcg cttccatcct aaagccataa tgaaaataac ttcctctctt 1020

```

65/175

```

ccccattota tacaaaatac taagtggttt tcttgcctcc actccctacc ccttagtta 1080
atagggttta tttccactc atgcccttat gccttttttt cttatagttt ttttaacttat 1140
tgactgtgca tgaccagtg gtttgaattg ttttagttc aagtcattgg taaaaactag 1200
gtttaaggag atgagctact gtttaaagtg agctggcctg cctaattaat tccttgtgaa 1260
aactaaatga ttttttcagt ttggggatca ttctcacaac ataactatgc atgtagagga 1320
caagatttat tttctttcct ccttttgccc agtagccaca tctggtttac tcaggcagca 1380
tctactaaga aattcagcac ctgcatact ctgtgacatg gtcacttaga gottatcttc 1440
cctatgaatc tccagatctg tgagtcgagc agatttcatg ttgcagattc accttaatg 1500
caaagactgt attatcctca catgactttt tttcttgtct tactgtacct taaaagggtga 1560
tagagtaatt ctgtattttc taacgggaag attcaaagga gctgaatgtg ttatgcttcc 1620
aaacaactga atgtaaaaca ctctagcca gttgttgcat tccctatatt tatttacttc 1680
caatatttta ctgtaaaagt agggagaaat attatgttga tagttgttcc atattctctc 1740
aggaacttta atgttccoga ctgggtgat tccagctgtg ttgctggcag tgttgtctca 1800
acctctccc taaaatgaat gagccctggg ttcatotaat gtggttttcc ttaggaagag 1860
atagaaggca cagaagatca cagctagaga attgagaatt aactatacta ctagccattt 1920
tagggcacca aaacttggga ttaaacactt cctacttccc actcccaact cctgaaatga 1980
agtcttgcta tctgtgacta gttttatttt tgtgctttta atagtccgag cagtottacc 2040
ttgtttacac atgtattgac accatttgc t caggccatg gagcaatgtt tctccctttt 2100
tactatttat aggattccgt tttttcaca gacttttaat aaaaagaaat tgtagaaata 2160
aacacattaa aatttg 2176

```

<210> 57

<211> 228

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 57

```

Met Gln Pro Gly Phe Pro Glu Asn Leu Ser Lys Leu Lys Ser Leu Leu
  1              5              10              15
Thr Gln Leu Arg Ala Glu Asp Leu Asn Ile Ala Pro Arg Lys Ala Thr
      20              25              30
Leu Gln Pro Leu Pro Pro Asn Leu Pro Pro Val Thr Tyr Met His Ile
      35              40              45
Tyr Glu Thr Asp Gly Phe Ser Leu Gly Val Phe Leu Leu Lys Ser Gly
      50              55              60
Thr Ser Ile Pro Leu His Asp His Pro Gly Met His Gly Met Leu Lys
      65              70              75              80
Val Leu Tyr Gly Thr Val Arg Ile Ser Cys Met Asp Lys Leu Asp Ala
      85              90              95
Gly Gly Gly Gln Arg Pro Arg Ala Leu Pro Pro Glu Gln Gln Phe Glu
      100             105             110
Pro Pro Leu Gln Pro Arg Glu Arg Glu Ala Val Arg Pro Gly Val Leu
      115             120             125
Arg Ser Arg Ala Glu Tyr Thr Glu Ala Ser Gly Pro Cys Ile Leu Thr
      130             135             140
Pro His Arg Asp Asn Leu His Gln Ile Asp Ala Val Glu Gly Pro Ala
      145             150             155             160

```

66/175

Ala Phe Leu Asp Ile Leu Ala Pro Pro Tyr Asp Pro Asp Asp Gly Arg
 165 170 175
 Asp Cys His Tyr Tyr Arg Val Leu Glu Pro Val Arg Pro Lys Glu Ala
 180 185 190
 Ser Ser Ser Ala Cys Asp Leu Pro Arg Glu Val Trp Leu Leu Glu Thr
 195 200 205
 Pro Gln Ala Asp Asp Phe Trp Cys Glu Gly Glu Pro Tyr Pro Gly Pro
 210 215 220
 Lys Val Phe Pro
 225

<210> 58
 <211> 2661
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (6).. (2045)

<400> 58
 tttgtatgag aggagacatg tgtccttttg atcatggaag tgatccagta gttgtagaag 60
 atgtgaatct tcttggatg ctgcctttcc oagcacagcc tctgtttgtt gaaggaccac 120
 ctctctcttg actccccca cctccacca ttcttacacc cccacctgtg aatctcaggc 180
 ccccgatacc accgccaggt ccattgccac ccagctctcc acctgttaca ggaccaccac 240
 ctccaatttc tcttttgacg ccattctggca tggatgctcc tccaaactct gcaaccagtt 300
 ctgttctctac tgtagtaaca actggcatto atcaccagcc tctctctgct coacctctct 360
 tttttactgc agatacatat gacacagatg gctacaatcc tgaagcccca agcataacaa 420
 acacttccag acctatgtat agacacagag tgcattgcaca aaggcccaac ttgataggac 480
 taacatcagg ggatatggat ttgccaccca gagaaaagcc tcccaataaa agcagtatga 540
 ggatagtagt ggactcagaa tcaaggaaaa gaaccattgg ttctggagag cctggagttc 600
 ctacaaagaa gacttggttt gataaaccac attttaatag aacaaacagc ccaggctttc 660
 agaagaaggt tcaatttga aatgaaaata ccaagcttga acttagaaaa gttcctccag 720
 aattaaataa tatcagcaaa cttaataaac attttagtcg atttggaaac ttggttaact 780
 tacaggttgc ttataatggt gatcctgaag gtgcccta at ccaatttgca acatacgaag 840
 aagcaaagaa agcaatatca agtacggaag cagtattaaa caatcgcttt attaaggttt 900
 attggcacag agaaggaagc acccaacagt tacaaactac ttctccaaag gtaatgcagc 960
 ctttagtcca gcagccatt ttgcctgttg tgaagcagtc agtcaaagag cggctgggtc 1020
 cagtaccttc aagtactatt gaacctgcag aagcccagag tgcctcttca gaccttctc 1080
 aggtgttgtc tacatctact ggccatacaa aaacagtgt taatccagct gctttgaagg 1140
 ctgcacagaa aaccttactt gtttccacct ctgcagtga taataatgaa gcacagaaaa 1200
 aaaaacagga ggcattgaaa cttcagcagg atgtaaggaa aaggaaacaa gaaattttag 1260
 aaaagcacat tgaaacacag aagatgttaa tttcaaaact ggagaaaaac aaaacaatga 1320
 agtctgaaga taaagcagaa ataataaaaa ctttagaggt tttgacaaaa aatattacca 1380
 agttgaaaga tgaggtcaaa gctgcttctc ctggacgctg tcttccaaaa agtataaaaa 1440
 ccaagactca gatgcagaag gaattacttg acacagaact ggatttatat aagaagatgc 1500
 aggtctggaga agaagtcact gaacttagga gaaagtatac agaattacag ctggaagctg 1560

67/175

```

ccaaacgagg gattctttca tctggtcggg gcagaggaat tcattcaaga ggtcagagtg 1620
cagttcatgg ccgaggcagg gggcgagggc gagggcgagg tgtgcctggt catgctgtgg 1680
tggatcaccc tcccagggca ttggagattt ctgcatttac ggagagogat agagaagatc 1740
ttcttctca ttttgcgcaa tatggtgaaa ttgaagattg tcagattgat gattcctcac 1800
ttcatgcagt aattacattc aagacaagag cagaagctga agcagctgca gttcatggag 1860
ctcgtttcaa agggcaagat ctaaaactgg catggaataa accagtaact aatatttcag 1920
ctgttgaaac agaagaagtt gggcctgatg aagaagaatt tcaggaagag tctttggtgg 1980
atgactcatt acttcaagat gatgatgaag aagaagagga caatgaatct cgttcttgga 2040
gaagatgatt tgactgatca ttgatctgca tatgctagaa ctctacctgt gtttcattag 2100
tattatctaa tgaactttta catatttgta aaaacaattt ttggtaaaat gtgatgaaga 2160
tggatttcac aaatagacaa aaaagaagaa aactaccttc tgatcttgta ttttgaaaga 2220
ttgatgtttg cattttactt cagtaaaca aatgctaaaga catcacacta gaaacatatg 2280
caatgttttt attacatact tctactggac atcacagaat tctttgggtt ctttgtaatt 2340
taatgaatag gtctgaaaac ttatgacc aaactgttat aacttagagg actttgtttt 2400
attccaaata aggaatgaat ttgcatttaa aatcttaatg aatgttttca aaactgaata 2460
gataacatag tactctaact aaagtctcca agttatgtat tataatatta catagtagta 2520
tgottaggct ttactatgta ttaccctttt gttggactgt gtatgtattt taccataagg 2580
gttttaatga taatgggtga tgactgcttt acatgagtc ttatgcatcc agatgttata 2640
ataaagtga atggtctctt t 2661

```

<210> 59

<211> 680

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

```

Met Arg Gly Asp Met Cys Pro Phe Asp His Gly Ser Asp Pro Val Val
 1           5           10           15
Val Glu Asp Val Asn Leu Pro Gly Met Leu Pro Phe Pro Ala Gln Pro
 20           25           30
Pro Val Val Glu Gly Pro Pro Pro Gly Leu Pro Pro Pro Pro
 35           40           45
Ile Leu Thr Pro Pro Pro Val Asn Leu Arg Pro Pro Val Pro Pro Pro
 50           55           60
Gly Pro Leu Pro Pro Ser Leu Pro Pro Val Thr Gly Pro Pro Pro Pro
 65           70           75           80
Leu Pro Pro Leu Gln Pro Ser Gly Met Asp Ala Pro Pro Asn Ser Ala
 85           90           95
Thr Ser Ser Val Pro Thr Val Val Thr Thr Gly Ile His His Gln Pro
100           105           110
Pro Pro Ala Pro Pro Ser Leu Phe Thr Ala Asp Thr Tyr Asp Thr Asp
115           120           125
Gly Tyr Asn Pro Glu Ala Pro Ser Ile Thr Asn Thr Ser Arg Pro Met
130           135           140
Tyr Arg His Arg Val His Ala Gln Arg Pro Asn Leu Ile Gly Leu Thr
145           150           155           160
Ser Gly Asp Met Asp Leu Pro Pro Arg Glu Lys Pro Pro Asn Lys Ser

```


69/175

545		550		555		560
His Arg Pro Arg	Ala Leu Glu Ile Ser Ala Phe Thr Glu Ser Asp Arg					
	565		570		575	
Glu Asp Leu Leu Pro His Phe Ala Gln Tyr Gly Glu Ile Glu Asp Cys						
	580		585		590	
Gln Ile Asp Asp Ser Ser Leu His Ala Val Ile Thr Phe Lys Thr Arg						
	595		600		605	
Ala Glu Ala Glu Ala Ala Val His Gly Ala Arg Phe Lys Gly Gln						
	610		615		620	
Asp Leu Lys Leu Ala Trp Asn Lys Pro Val Thr Asn Ile Ser Ala Val						
	625		630		635	
Glu Thr Glu Glu Val Gly Pro Asp Glu Glu Glu Phe Gln Glu Glu Ser						
	645		650		655	
Leu Val Asp Asp Ser Leu Leu Gln Asp Asp Asp Glu Glu Glu Glu Asp						
	660		665		670	
Asn Glu Ser Arg Ser Trp Arg Arg						
	675		680			

<210> 60
 <211> 2005
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (137).. (844)

<400> 60
 tggatttggg gattctacaa aaaaagacac tgaggttgag accttgaagc atgacactgc 60
 tgcagtcgat cggtccgtca agcgtctttt caaagttcgg agtgatcttg attttgctga 120
 gcaactgtgg tgcaaatga gcagtagtgt gatttcatac caagacttgg tgaagtgttt 180
 cacattgato atccagagtc tacaacgtgg tgatatacag ccatggctcc atagtggag 240
 taacagttta ctaagtaagc tcattcatca gtcttatcat ggaaccatgg acacagtttc 300
 tctcagtggg actattocag ttcaaatgct tttggaaatt ggtttggaca aactaaagaa 360
 agattatato agttttttca taggtcagga acttgcacat ttgaatcatt tggaataactt 420
 cattgctcca tcagtagata tacaagaaca ggtttatcgt gtccaaaaac tccaccatat 480
 tctagaaata ttagtcagtt gcatgccttt cattaaatct caacatgaac tcttcttttc 540
 ttttaacacag atctgcataa agtattacaa acaaaatcct ctgatgagc aacacatttt 600
 tcagctgccg gtcagaccaa ctgctgtaaa gaacttatat caaagtgaga agccacagaa 660
 atggagagtg gaaatatata gtggtoaaaa gaagattaag acagtttggc aactgagtga 720
 cagctcacco atagaccatc tgaattttca caaacctgat ttttcggaat taacactaaa 780
 cggtagcctg gaagaaagga tattttttac taacatggtt acctgcagcc aggtgcattt 840
 caagtgaagt gtgctgatga agtcctctat aagcacaagc caaaaagaga aagagaaaaa 900
 aaggttaatta ttgtagaacc tgaaaacagc aatgtatgga aaccctcaa gcagaaaagg 960
 gaggaagato ctgaagattc tcttatgaag ctccaaaatt gataatcctg tctcagctct 1020
 gcctcctcag gaggagcatt agtagaacag cagtgatgag gacacagagg gagcagacag 1080
 tgggtaccac gatctccgta accatttgca tgtgacttag caagggtctt gaaatgacaa 1140

70/175

```

agagaacgag caccacaaat gagaacagga tcattttagt aaatacagct ttatcccaaa 1200
agctttaact gtattgggaa aacttaaaaa atagcatcct caaatittct gattcttatt 1260
tgccatgaaa tagaacttag taaattaaat gttatttgaa aatgttataa gagctttgta 1320
aatatttcag aaaataatggg ataaatgcct gaatttgggt ctctacagg tgctataata 1380
aagtccatct ctcaataactt atactttcta aattcatctc agaataattag cagccatatt 1440
ccacagttcc tataatTTTT actggggggg atttgatgata ggaaagtcct tgggaaacat 1500
ttccaatctt tcaaaatatt attgtgtatc ttaagaagta taggaacttg tatgttgaaa 1560
tgttgtatgg tagttcttgt atagttaa ataatcttt ttaagagtta atgataagca 1620
tatgttatgt gcattattaa taaaatagtg gccacttagg taatacccac ttttatcttg 1680
tgtgtgggt actotggta ctgagataaa taaggcactg gacatcctca cgtggagttc 1740
acaggctcat cagtgaattc tgtaccacat ttcaaccttg tttattttag tttaatggaa 1800
tatacattct tagtattgcc tgattattta aatttggta gggggattgc atgttgcttt 1860
attggcctgt aaaaatagct agtttggtaa gatttggctc cgcaccttcc atotttgcta 1920
ccacattaaa gatgagcttg ttaaaaagga aagcatattt ctotgattgc ctttatggag 1980
aaataaagat aaaattcaaa gaaac 2005

```

<210> 61

<211> 236

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

```

Met Ser Ser Ser Val Ile Ser Tyr Gln Asp Leu Val Lys Cys Phe Thr
 1           5           10           15
Leu Ile Ile Gln Ser Leu Gln Arg Gly Asp Ile Gln Pro Trp Leu His
 20           25           30
Ser Gly Ser Asn Ser Leu Leu Ser Lys Leu Ile His Gln Ser Tyr His
 35           40           45
Gly Thr Met Asp Thr Val Ser Leu Ser Gly Thr Ile Pro Val Gln Met
 50           55           60
Leu Leu Glu Ile Gly Leu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Tyr Ile Ser Phe
 65           70           75           80
Phe Ile Gly Gln Glu Leu Ala Ser Leu Asn His Leu Glu Tyr Phe Ile
 85           90           95
Ala Pro Ser Val Asp Ile Gln Glu Gln Val Tyr Arg Val Gln Lys Leu
100           105           110
His His Ile Leu Glu Ile Leu Val Ser Cys Met Pro Phe Ile Lys Ser
115           120           125
Gln His Glu Leu Leu Phe Ser Leu Thr Gln Ile Cys Ile Lys Tyr Tyr
130           135           140
Lys Gln Asn Pro Leu Asp Glu Gln His Ile Phe Gln Leu Pro Val Arg
145           150           155           160
Pro Thr Ala Val Lys Asn Leu Tyr Gln Ser Glu Lys Pro Gln Lys Trp
165           170           175
Arg Val Glu Ile Tyr Ser Gly Gln Lys Lys Ile Lys Thr Val Trp Gln
180           185           190
Leu Ser Asp Ser Ser Pro Ile Asp His Leu Asn Phe His Lys Pro Asp

```

71/175

195	200	205
Phe Ser Glu Leu Thr Leu Asn Gly Ser Leu Glu Glu Arg Ile Phe Phe		
210	215	220
Thr Asn Met Val Thr Cys Ser Gln Val His Phe Lys		
225	230	235

<210> 62
 <211> 2279
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (97).. (1650)

<400> 62

```

atgccgacgg actgtgtcgg gcgatgggca cgggcatttc ttcgtttata gctgtotgtt 60
tgcattctga ttgggaacac tgggatcatt ttcacatgc cgacagtgtt ggtaattgat 120
gtatcccttt ccatgaccgg acctgtgtct attgaggggt ccgaggaata ccagcgtaag 180
cacctagcag cccatgggtt aacgatgotg tttgagcaca tggccacaaa ttacaagctt 240
gaatttacag cacttgttgt tttttcatca ctttgggagt tgatggtooo cttcacgaga 300
gattataata ccctacagga agcaactaagt aatatggatg attatgacaa aacctgcttg 360
gagtctgcot tagttgtgtt ttgcaatato gttcagcaag aatgggggtg tgcaattcct 420
tgccagggtg tcctgggtgac agacggctgt cttggcatig gtagagggtc actgcgacat 480
tccctagcca ctcaaaatca acgaagttag agcaacaggt ttccaactacc ttttcccttc 540
ccatctaagt tatatatcat gtgcattggcg aatttggagg agctccagag caccgattcc 600
ttggaatgcc ttgaacgtct catatattta aacaattgtg aagggcagat ttttactatt 660
gatggccccc tgtgttgtaa gaatgtacag tctatgtttg gaaaaactgat agatttggca 720
tatacgccct tccatgctgt tctcaagtgt ggccacctaa ctgctgatgt acaagtcttc 780
cccaggccag aaccttttgt tgtagatgaa gaaattgato ctatccctaa agtcattaac 840
acagatttgg aaatagtggg atttattgat atagctgata tttcaagtcc cccagttctg 900
tccagacatc tggctottacc tatagcactt aacaaagaag gtgatgaggt ggttactggc 960
atcactgatg acaatgaaga tgaatttca gccaatcaga ttgcaggcaa aatacccaac 1020
ttttgtgtcc tgcctcatgg tagcctaaaa gtggaaggaa tggtagogat tgttcaatta 1080
ggtcctgaat ggcattggaat gctctactcc caagctgaca gcaagaagaa atcaaacctc 1140
atgatgtctc tctttgagcc tggcccagaa cctctcccat ggctagggaa aatggcacag 1200
ttgggttcta tttcagatgc taaagaaaaa ccttatggcg aggatgacaa taagagtcca 1260
ttccccctgc agcccaaaaa caaacgcagt tatgcccaga atgtgactgt ctggatcaaa 1320
cccagcggcc tgcagacaga tgtacagaag attttaagaa atgcaaggaa actacctgaa 1380
aaaacacaga cattctataa ggagctgaac cgtttgcgaa aggccgctct agccttttgt 1440
ttcctggacc tgtgaaagg ggtggtgac atgctggaaa gggaaatgcac actgctgcot 1500
gagacagccc accctgatgc tgcattccag ctgacccatg ctgcccagca gctcaagctg 1560
gccagtaccg gcacctctga gtatgocgct tatgaccaga acatcacacc ttgacacag 1620
gaattctctg ggagcagcac tgaagaatt tgaactgac ttttggagct ttocctcttt 1680
tttcatttca actgaaaatg ctttaggtta aaacctttcc agtatgttca cototagaat 1740
agccacccaa agaccttctt gaggtgcct cagaagcacc acttgcgtgt ttgaatgact 1800
ctactagtat gagaaggatg tgaagggtgt tggctggttg ggctttaact tctgggatt 1860

```

72/175

cataattttt aagcttgga gatagctgct gttcccatga tgggcacatt tctgagaag 1920
 ctggaatgac tgatgagcat agagcaccoc tgccttcctc aggaacctg accggcaggg 1980
 gotctctgga ttctgaaag cttcacctct tccctcgttt atatctcaac tgtaaggga 2040
 ttttcaagct tctgttcag gaatgagcaa ctcagactgt ctggagcttg ctgagtacaa 2100
 acacaccacc actaagtctc agaactttcc ttagaacttg ggcaaatgt ggtggttaact 2160
 ctttaagtgt tttggtatct cttgagattc taacttttaa agagcaacca ttaatgtgta 2220
 aatgattcc tattattcaa ggtttttttt taatgaaaaa aaaatatttg attttctag 2279

<210> 63

<211> 518

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met	Pro	Thr	Val	Val	Val	Met	Asp	Val	Ser	Leu	Ser	Met	Thr	Arg	Pro
1				5					10					15	
Val	Ser	Ile	Glu	Gly	Ser	Glu	Glu	Tyr	Gln	Arg	Lys	His	Leu	Ala	Ala
		20						25					30		
His	Gly	Leu	Thr	Met	Leu	Phe	Glu	His	Met	Ala	Thr	Asn	Tyr	Lys	Leu
	35						40					45			
Glu	Phe	Thr	Ala	Leu	Val	Val	Phe	Ser	Ser	Leu	Trp	Glu	Leu	Met	Val
	50					55					60				
Pro	Phe	Thr	Arg	Asp	Tyr	Asn	Thr	Leu	Gln	Glu	Ala	Leu	Ser	Asn	Met
	65				70					75					80
Asp	Asp	Tyr	Asp	Lys	Thr	Cys	Leu	Glu	Ser	Ala	Leu	Val	Gly	Val	Cys
			85						90					95	
Asn	Ile	Val	Gln	Gln	Glu	Trp	Gly	Gly	Ala	Ile	Pro	Cys	Gln	Val	Val
		100					105						110		
Leu	Val	Thr	Asp	Gly	Cys	Leu	Gly	Ile	Gly	Arg	Gly	Ser	Leu	Arg	His
	115						120					125			
Ser	Leu	Ala	Thr	Gln	Asn	Gln	Arg	Ser	Glu	Ser	Asn	Arg	Phe	Pro	Leu
	130					135					140				
Pro	Phe	Pro	Phe	Pro	Ser	Lys	Leu	Tyr	Ile	Met	Cys	Met	Ala	Asn	Leu
	145				150					155				160	
Glu	Glu	Leu	Gln	Ser	Thr	Asp	Ser	Leu	Glu	Cys	Leu	Glu	Arg	Leu	Ile
			165						170					175	
Tyr	Leu	Asn	Asn	Gly	Glu	Gly	Gln	Ile	Phe	Thr	Ile	Asp	Gly	Pro	Leu
		180					185					190			
Cys	Leu	Lys	Asn	Val	Gln	Ser	Met	Phe	Gly	Lys	Leu	Ile	Asp	Leu	Ala
	195					200					205				
Tyr	Thr	Pro	Phe	His	Ala	Val	Leu	Lys	Cys	Gly	His	Leu	Thr	Ala	Asp
	210				215						220				
Val	Gln	Val	Phe	Pro	Arg	Pro	Glu	Pro	Phe	Val	Val	Asp	Glu	Glu	Ile
	225			230					235					240	
Asp	Pro	Ile	Pro	Lys	Val	Ile	Asn	Thr	Asp	Leu	Glu	Ile	Val	Gly	Phe
			245					250					255		
Ile	Asp	Ile	Ala	Asp	Ile	Ser	Ser	Pro	Pro	Val	Leu	Ser	Arg	His	Leu

[illegible]

<400> 64
gtcgcgacgg ggggttcaggg aatatctact gggcctotcc gctccctctg ctcttgagg 60
tgccatgagg tcagttagct acgtgcagcg cgtggcgctg gagttcagcg ggagcctott 120
cccgacgca atctgcctcg gagacgttga taacgatacg ttaaataaac tgggtggtgg 180

74/175

```

agacaccagc gggaagggtg ctgtgtataa aaatgatgac agtcggccat ggctcacctg 240
ttcctgccag ggaatgctga cttgcgctgg ggttggagac gtgtgtaata aaggaaagaa 300
cctgttgggtg gcagtgagtg ctgaaggctg gtttcatttg tttgacctga cacctgccaa 360
ggtgttggat gcttctgggc accacgagac actaatcgga gaggagcagc gtccagtctt 420
caagcagcac atccctgcc aacccaaggt catgctgac agcgacatcg atggagatgg 480
gtgtcgtgag ctggtgggtg gctacacaga ccgtgtggtg cgagctttcc gctgggagga 540
gctagggtgag ggtcctgaac atctgacagg gcagctgggtg tccctcaaga aatggatgct 600
ggagggtcag gtggacagcc tctcagtga cctggggcca ctgggtcttc ctgaactgat 660
ggtgtctcag ccaggttgtg cgtatgcaat tctactgtgt acctggaaaa aggacactgg 720
gtccctctct gcctctgaag ggcccacgga tggtagtagg gagacccag ctgcccagga 780
cgtggtgctg caccagacat ctggccgtat ccacaacaag aatgtctcca ctcacctaata 840
tggcaacato aaacaaggcc accggcactga gtagtagtgg tctggcctct ttgccctgtg 900
caccctggat gggacactga agctcatgga agaaatggaa gaagcagaca agctgctgtg 960
gtcagtgcag gtggatcacc agctctttgc cctggagaaa ctggatgtca ccggcaacgg 1020
gcatgaggag gtagttgcat gcgcctggga tggacagaca tatatcattg atcacaaccg 1080
caccgtogto cgcttccaag tggatgaaaa tatcctgccc ttctgtgcgg gcctgtacgc 1140
ctgcaaaagag ggccgcaaca gcccctgcct cgtatatgtc actttcaacc agaagatcta 1200
tgtgtactgg gaggtgcagc tggagcggat ggagcttacc aatctggtga aactgctgga 1260
gaccaagccg gagtaccaca gctgtgtgca ggagctgggc gtggatcctg acgacctccc 1320
tgtgactcgt gccctgcttc accaaaagct ctaccatcca gaccagccac cacagtgtgc 1380
tccctcaagc ctccaggatc ccacctagct gtacttgct catagctggt gaaggattct 1440
tctgaacccc caccctaccc cctaaaggta tctgtggtat tggcaggata gggaatatgc 1500
attacagaaa tgcaggattt gactctgggc atgaaagatg gcagcagccc tagggtgacc 1560
gtgaactata gacctgcag tcttttcggt gaaagaagag acaagttgac cctctgcccc 1620
tttccttatg gacctaccc atcatgccag cagggtcata ggacctggc cttgttccaa 1680
atcatotggg acatgaoccc ctcccactg tcaactgtgt gaaaacagag acttgtttgt 1740
gtggccccc aaccataag gaaaccaggc tttaggccca ggggagcagt ggaggtaagg 1800
gtccacccc atcttaagct ctgtcttcgg tggcacaatt ccaagttctt gacgttagta 1860
attgttaaag gaatggcaaa ctgttttgtt ttgaaggatc tttctacagt ctggtcttac 1920
ccatgttct agcaacctg agatgatatt ctccattta ccaaagcagc cgggtcagtg 1980
ccttctcag ttgccgtatt cttcaggat tagtcagct cagaagccct gctccattt 2040
ttccacccac ccattccccc ataaaacagc ttattgtctc caagacaata gacatttaaa 2100
atgtgatgcg ggtttatgat ccagaccaca atcagaatta tatcttgggt cattt 2155

```

<210> 65

<211> 447

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

```

Met Arg Ser Val Ser Tyr Val Gln Arg Val Ala Leu Glu Phe Ser Gly
  1           5           10           15
Ser Leu Phe Pro His Ala Ile Cys Leu Gly Asp Val Asp Asn Asp Thr
      20           25           30
Leu Asn Glu Leu Val Val Gly Asp Thr Ser Gly Lys Val Ser Val Tyr
      35           40           45
Lys Asn Asp Asp Ser Arg Pro Trp Leu Thr Cys Ser Cys Gln Gly Met

```

75/175

50		55		60	
Leu Thr Cys Ala Gly Val Gly Asp Val Cys Asn Lys Gly Lys Asn Leu					
65		70		75	80
Leu Val Ala Val Ser Ala Glu Gly Trp Phe His Leu Phe Asp Leu Thr					
	85		90		95
Pro Ala Lys Val Leu Asp Ala Ser Gly His His Glu Thr Leu Ile Gly					
	100		105		110
Glu Glu Gln Arg Pro Val Phe Lys Gln His Ile Pro Ala Asn Thr Lys					
	115		120		125
Val Met Leu Ile Ser Asp Ile Asp Gly Asp Gly Cys Arg Glu Leu Val					
	130		135		140
Val Gly Tyr Thr Asp Arg Val Val Arg Ala Phe Arg Trp Glu Glu Leu					
	145		150		155
Gly Glu Gly Pro Glu His Leu Thr Gly Gln Leu Val Ser Leu Lys Lys					
	165		170		175
Trp Met Leu Glu Gly Gln Val Asp Ser Leu Ser Val Thr Leu Gly Pro					
	180		185		190
Leu Gly Leu Pro Glu Leu Met Val Ser Gln Pro Gly Cys Ala Tyr Ala					
	195		200		205
Ile Leu Leu Cys Thr Trp Lys Lys Asp Thr Gly Ser Pro Pro Ala Ser					
	210		215		220
Glu Gly Pro Thr Asp Gly Ser Arg Glu Thr Pro Ala Ala Arg Asp Val					
	225		230		235
Val Leu His Gln Thr Ser Gly Arg Ile His Asn Lys Asn Val Ser Thr					
	245		250		255
His Leu Ile Gly Asn Ile Lys Gln Gly His Gly Thr Glu Ser Ser Gly					
	260		265		270
Ser Gly Leu Phe Ala Leu Cys Thr Leu Asp Gly Thr Leu Lys Leu Met					
	275		280		285
Glu Glu Met Glu Glu Ala Asp Lys Leu Leu Trp Ser Val Gln Val Asp					
	290		295		300
His Gln Leu Phe Ala Leu Glu Lys Leu Asp Val Thr Gly Asn Gly His					
305		310		315	320
Glu Glu Val Val Ala Cys Ala Trp Asp Gly Gln Thr Tyr Ile Ile Asp					
	325		330		335
His Asn Arg Thr Val Val Arg Phe Gln Val Asp Glu Asn Ile Arg Ala					
	340		345		350
Phe Cys Ala Gly Leu Tyr Ala Cys Lys Glu Gly Arg Asn Ser Pro Cys					
	355		360		365
Leu Val Tyr Val Thr Phe Asn Gln Lys Ile Tyr Val Tyr Trp Glu Val					
	370		375		380
Gln Leu Glu Arg Met Glu Ser Thr Asn Leu Val Lys Leu Leu Glu Thr					
	385		390		395
Lys Pro Glu Tyr His Ser Leu Leu Gln Glu Leu Gly Val Asp Pro Asp					
	405		410		415
Asp Leu Pro Val Thr Arg Ala Leu Leu His Gln Thr Leu Tyr His Pro					
	420		425		430
Asp Gln Pro Pro Gln Cys Ala Pro Ser Ser Leu Gln Asp Pro Thr					

76/175

435

440

445

<210> 66
 <211> 1793
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (152).. (760)

<400> 66

```

aaaaaaaaa aaaaaaaaaat ataatccaca cctactactc aataccttag aaaatcttcg 60
ottccctaata aatgttgaac cagttacaaa togttttatt acacagtggc ttaatgatgt 120
tgactgtttc ttggggcttc atgacagaaa gatgtgtgtt ctggactct gtgctcttat 180
tgatatggaa cagatacccc aagttttaaa tcaggtttct ggacagattt tgccggcttt 240
tatcctttta tttaacggat tgaaaagagc atatgcctgc catgcagaac atgagaatga 300
cagtgatgat gatgatgaag ctgaagatga tgatgaaacc gaggaactgg ggagtgatga 360
agatgatatt gatgaagatg ggcaagaata ttgggagatt ctggctaagc aggctggtga 420
agatggagat gatgaagatt gggaagaaga tgatgctgaa gagactgctc tggaaggcta 480
ttccacaatc attgatgatg aagataaccc tgttgatgag tatcagatat ttaaagctat 540
ctttcaaaact attcaaaatc gtaatcctgt gtggtatcag gcactgactc acggtcttaa 600
tgaagaacaa agaaaacagt tacaggacat agcaactctg gctgatcaaa gaagagcagc 660
coatgaatcc aaaatgattg agaagcatgg aggatacaaa ttcagtgtc cagttgtgcc 720
aagttctttc aattttggag gccagcacc aggatgaat tgagttatct ctttctttcc 780
tgctgtgtgc ttgtagtga gagcttgtgt tctcctagt agtggttcca gaactggttc 840
atgttatcta ttctaaacta ataatcaata gatggacaaa agaaacaaca accccaggag 900
atgggacctg atcatgcaac ctggcactgg aaaagaaatc agcgggattt tgggggtggg 960
ggggatggga ggtaccttag agggagtatt ttctttattt ttgaagaaa gtaagatcct 1020
gactctgaag cttcaaagt acactgtgga aatctgaaac gaggggatgt catgaaggca 1080
gottttcttt ttctgaggaa aaaataggca tgggctacag gactatttaa aatgtctcat 1140
ttacagtata aaactcaaag gtagatgtaa tttttacacc tatgagtatt tgtccaattt 1200
ctgtctcttc ctcaccattg ggtatctatt ctttatatgt aaataagata aggtcatctg 1260
atagccttat tcagtcttca tcattttcat cattgttcct atgtagatta ttggacattt 1320
attgtagcac tacataactg attataaaaa totgtaaatg aattagcaat ttcatatgta 1380
aacaagcctg ctagcctatg tataaaatag caaaatgttt gctgtttata aaaagatgta 1440
atgggggtggg gggcaggggt aatttcaagt tattaattta aaaatgaact agcaattttg 1500
tacctggtga ctttgtgtg cactcacctc tgatagtgaac ttgaattcgg tatgtaaaaa 1560
ggggttagtg gtatttcatt gctgctaaaa atgacaactc cctctgtgtc ctgtttttct 1620
taaagctgtc agtgtacaag tgggtatttg aataccagac cttactgtaa aaaataaaaa 1680
aggtggtatc tagagcatgt aaattggata taaagttctg ctottaaga gttgatotaa 1740
gagtatggct aaacatctat atatgcaatc tattaaga acttaattcg gct 1793

```

<210> 67
 <211> 203
 <212> PRT

77/175

<213> Homo sapiens

<400> 67

```

Met Cys Val Leu Gly Leu Cys Ala Leu Ile Asp Met Glu Gln Ile Pro
 1           5           10           15
Gln Val Leu Asn Gln Val Ser Gly Gln Ile Leu Pro Ala Phe Ile Leu
      20           25           30
Leu Phe Asn Gly Leu Lys Arg Ala Tyr Ala Cys His Ala Glu His Glu
      35           40           45
Asn Asp Ser Asp Asp Asp Asp Glu Ala Glu Asp Asp Asp Glu Thr Glu
      50           55           60
Glu Leu Gly Ser Asp Glu Asp Asp Ile Asp Glu Asp Gly Gln Glu Tyr
      65           70           75           80
Leu Glu Ile Leu Ala Lys Gln Ala Gly Glu Asp Gly Asp Asp Glu Asp
      85           90           95
Trp Glu Glu Asp Asp Ala Glu Glu Thr Ala Leu Glu Gly Tyr Ser Thr
      100          105          110
Ile Ile Asp Asp Glu Asp Asn Pro Val Asp Glu Tyr Gln Ile Phe Lys
      115          120          125
Ala Ile Phe Gln Thr Ile Gln Asn Arg Asn Pro Val Trp Tyr Gln Ala
      130          135          140
Leu Thr His Gly Leu Asn Glu Glu Gln Arg Lys Gln Leu Gln Asp Ile
      145          150          155          160
Ala Thr Leu Ala Asp Gln Arg Arg Ala Ala His Glu Ser Lys Met Ile
      165          170          175
Glu Lys His Gly Tyr Lys Phe Ser Ala Pro Val Val Pro Ser Ser
      180          185          190
Phe Asn Phe Gly Gly Pro Ala Pro Gly Met Asn
      195          200

```

<210> 68

<211> 2160

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (115).. (1146)

<400> 68

```

gtgcgagag gttgttogcg ccttgagagt taagogaagt gtggtggctt ccaaggaata 60
caaacataaa ggccttogac cgttgcaaat agactaaagt gaaaacaaat ctgaatgaag 120
atgaagttat ttcagaccat ttgcaggcag ctcaggagtt caaagttttc tgtggaatca 180
gctgcccttg tggttttctc tacttctctt tactcatgtg gccggaagaa aaaagtgaac 240
ccatatgaag aagtggacca agaaaaatac tctaatttag ttcagtctgt cttgtcatcc 300
agaggcgtcg cccagacccc gggatcgggtg gaggaagatg ctttgctctg tggaccggtg 360
agcaagcata agctgccaaa ccaaggtgag gacagacgag tgccacaaaa ctggtttcct 420

```


78/175

```

atcttcaatc cagagagaag tgataaacca aatgcaagt atccttcagt tcctttgaaa 480
atccccttgc aaaggaatgt gataccaagt gtgacccgag tccttcagca gaccatgaca 540
aaacaacagg ttttcttggt ggagaggtgg aaacagcgga tgattctgga actgggagaa 600
gatggcttta aagaatacac ttcaaacgtc tttttacaag ggaaacggtt ccacgaagcc 660
tiggaaagca tactttcacc ccaggaaacc ttaaaagaga gagatgaaaa tctcctcaag 720
tcitggttaca ttgaaagtgt ccagcatatt ctgaaagatg tcagtggagt gcgagotctt 780
gaaagtgctg ttcaacatga aaccttaaac tatataggtc tgctggactg tgtggctgag 840
tatcagggca agctctgtgt gattgattgg aagacatcag agaaaccaa gccttttatt 900
caaagtacat ttgacaaccc actgcaagtt gtggcataca tgggtgccat gaacctgat 960
accaactaca gctttcaggt tcaatgtggc ttaattgttg tggcctacaa agatggatca 1020
cctgcccacc cacatctcat ggatgcagag ctctgttccc agtactggac caagtggctt 1080
cttcgactag aagaatatac ggaaaagaaa aagaaccaga atattcagaa accagaatat 1140
tcagaatagg gagcaagttg ctatttggga acattcagca ccttctcaca gtttggtaac 1200
atatattgct gtttactcca gtgtaaaaat gaggtgccac tggatctgag tgctacacga 1260
acacaagtag aagtattaat ttgttgaaat gtgtgtttac caaaaagact gaaaagcccc 1320
aaagtctaga tataaagacc tagacttcgg cagcgaaaat cccagctatg ctacctotta 1380
ttacctgaa aggaggacac gcaggatggg cagtcatgct ggtgaotctt gtactccctt 1440
gagggacatt gggggggggg gggcgtggtc ccaggcagga tgcccagctt ttgagctgag 1500
attggaaggc agtgaggctg agggtgccaa gatttcccca gggttcacc agagggaag 1560
gggtacatg cccccagctg tgtgcaggga ggacacatca gcccactacc gctgccaaca 1620
ccaatgccta aaacttggtt catacattgg ggttttctat atatttcagc tgggaaaagc 1680
ttacatttaa ccttttgaaa aaataaatac gtgattagcc tcaactaaac attgctgact 1740
ataaagacag tatattcacc atgtcgtg caatatgtcg ttgcgtaaca ccaaataacc 1800
ccccagaagt agccagaggc cagtttgaac atcacaattc taagtgtttt agtaactatt 1860
tctggcgtga gtcaacagat catgtagata gagtcaatta ttgtttgtgg agtttttcag 1920
ctatagggga ggggaactat taaaatccat ttgtttctat tcaataggta ataaaaatta 1980
gttgtccctg ggtttgggaa acttaaatgc ccattacagc cctggggaag ggttttctgt 2040
cttatggagt gagtcttagc atttaagtta tacagttgct gccttaaaat agtagcctgc 2100
tacaatgact tctttgggta gccattttca taagaaataa aatacaagat atgagtaatg 2160

```

<210> 69

<211> 344

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

```

Met Lys Met Lys Leu Phe Gln Thr Ile Cys Arg Gln Leu Arg Ser Ser
 1           5           10           15
Lys Phe Ser Val Glu Ser Ala Ala Leu Val Ala Phe Ser Thr Ser Ser
      20           25           30
Tyr Ser Cys Gly Arg Lys Lys Lys Val Asn Pro Tyr Glu Glu Val Asp
      35           40           45
Gln Glu Lys Tyr Ser Asn Leu Val Gln Ser Val Leu Ser Ser Arg Gly
      50           55           60
Val Ala Gln Thr Pro Gly Ser Val Glu Glu Asp Ala Leu Leu Cys Gly
      65           70           75           80
Pro Val Ser Lys His Lys Leu Pro Asn Gln Gly Glu Asp Arg Arg Val

```

79/175

										85					90					95				
Pro	Gln	Asn	Trp	Phe	Pro	Ile	Phe	Asn	Pro	Glu	Arg	Ser	Asp	Lys	Pro									
100								105				110												
Asn	Ala	Ser	Asp	Pro	Ser	Val	Pro	Leu	Lys	Ile	Pro	Leu	Gln	Arg	Asn									
115				120				125																
Val	Ile	Pro	Ser	Val	Thr	Arg	Val	Leu	Gln	Gln	Thr	Met	Thr	Lys	Gln									
130				135				140																
Gln	Val	Phe	Leu	Leu	Glu	Arg	Trp	Lys	Gln	Arg	Met	Ile	Leu	Glu	Leu									
145				150				155				160												
Gly	Glu	Asp	Gly	Phe	Lys	Glu	Tyr	Thr	Ser	Asn	Val	Phe	Leu	Gln	Gly									
				165				170				175												
Lys	Arg	Phe	His	Glu	Ala	Leu	Glu	Ser	Ile	Leu	Ser	Pro	Gln	Glu	Thr									
180				185				190																
Leu	Lys	Glu	Arg	Asp	Glu	Asn	Leu	Leu	Lys	Ser	Gly	Tyr	Ile	Glu	Ser									
195				200				205																
Val	Gln	His	Ile	Leu	Lys	Asp	Val	Ser	Gly	Val	Arg	Ala	Leu	Glu	Ser									
210				215				220																
Ala	Val	Gln	His	Glu	Thr	Leu	Asn	Tyr	Ile	Gly	Leu	Leu	Asp	Cys	Val									
225				230				235				240												
Ala	Glu	Tyr	Gln	Gly	Lys	Leu	Cys	Val	Ile	Asp	Trp	Lys	Thr	Ser	Glu									
				245				250				255												
Lys	Pro	Lys	Pro	Phe	Ile	Gln	Ser	Thr	Phe	Asp	Asn	Pro	Leu	Gln	Val									
260				265				270																
Val	Ala	Tyr	Met	Gly	Ala	Met	Asn	His	Asp	Thr	Asn	Tyr	Ser	Phe	Gln									
275				280				285																
Val	Gln	Cys	Gly	Leu	Ile	Val	Val	Ala	Tyr	Lys	Asp	Gly	Ser	Pro	Ala									
290				295				300																
His	Pro	His	Leu	Met	Asp	Ala	Glu	Leu	Cys	Ser	Gln	Tyr	Trp	Thr	Lys									
305				310				315				320												
Trp	Leu	Leu	Arg	Leu	Glu	Glu	Tyr	Thr	Glu	Lys	Lys	Lys	Asn	Gln	Asn									
				325				330				335												
Ile	Gln	Lys	Pro	Glu	Tyr	Ser	Glu																	
340																								

<210> 70
 <211> 1998
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400>	70						
ttttagaatg	gcacatcata	totcattgat	gccaacatgg	ttttgtccat	ggtttctgact	60	
ttctgtgaag	gcaccagcgt	gcaatatgcc	atcccatttc	accttgcatg	tgagacagca	120	
aacaaaatcc	acaaatgggtg	tgaactaata	tgtctggctgc	taccttgcat	aaattaatga	180	
tttgatcaca	cgggttccttc	gtggggttac	atctgtgaat	agcctgtttt	ccacatgtaa	240	
atttgtgcct	tacaccttga	gttgtgtaca	cttgtaaact	ctttatgac	aactgttccc	300	
ccttttga	aaagtcaga	tatttattta	accctccctt	ccccaccctc	tgccccactt	360	
ccagccctct	gaaagattgg	agtcaagcag	atggaagaat	gcagtggtga	tagttgtcat	420	

80/175

```

gcgacagcct gagaacgctg ggcagcacca caccctccaa ttcacactgc cttctagttg 480
tgccaactgg aaccaccctt tggtgtgtgt gcgaagcatg gacccacgtg ttgttgtggg 540
tgtgtcaaat cccctttcat cctcaagagc tccctgtctc ccttagatta ttccaatacg 600
gtgatactct tatttgctag cagaaaaggg actaacgtcc cattcctctt ttctgtctgc 660
tccactggct agagagcagg cgggtgcgcg ttgggcagac acctgggagg agtctccaag 720
ccatgtgoac agcacacacg tgcagtgcac acaaaagaat gacatggaaa tagatgcagg 780
caggctggtc cctgtctgtg ttaacgagta actccaagta caaggcgcac cacaatggat 840
gctgcaaaaa cgttgactgg ggcaaaggat tttttatttt attttttatt ttgttaatta 900
tgtttttagg ggatgggagg tgggtgtgtt ttttctctc ttggttttca ttgtctcaag 960
cacacaaaag ggaactttgt ttaactatc atgaacaaag gaactgtcca catactgtaa 1020
accatgagca gtgttgttgt tgttttttta aacagtatat ttggtgtgtt ctttgtctgc 1080
ttttatttcc agttgatctt tctgggttta gtttgtctt taaaaagaat tcaaaaaaag 1140
actgacaatg acagttttga gttggatagt taaaaaagt gagcctccat aatcagttgt 1200
gttgccctta gacctgagta cttagctgag ggtgggtgag agcccttgt tccaaaagtc 1260
cattagtttt gctgttattt aggagtaggt ggttgttgtt gtttttactt tttttttttt 1320
tggtctttgt aatggaatcc atgttcacat cctgtgaact ctgtctctg aaacctgaa 1380
gtatttccca gaacctgaaa tattgttttc ttcttgaat ttctctaga aatgcagaaa 1440
ttaggaaggt gatgggtctg tatccccctg ccccttctt tcccatgctt gactcccag 1500
agtactggca gtgcagcacc catcattgac gtaagcggct gtctgtcca gtgtttgtg 1560
gcatcactgc ctcagctgtt aaggagacct gtgtcaaaac ttacatccac attcctacac 1620
ccccacaacc catcaattct ggtgttaacc ctaaaatacc cacatgtatt gagctggtt 1680
tctgcattta agtatttctc cccagttttt ttccccactg tgtgtggggg gagggtccat 1740
aaacccgagt gtgcctttgc ttccaccctt tgctagacac tggtagatgc aacaaactca 1800
gatttatatt tgttgtaaag ttgtaaaaat attgtgatgt caccaatttt ctttccatct 1860
ccacatcccc taacatctga ttacgaactt aatgtatgtt gtaagaaaag aaaaaagaaa 1920
agaaaaaag ggaaaaaaga aaagcaagga aaaggctctt tattacttaa aagtaataaa 1980
acctgactgt tctatatt

```

<210> 71

<211> 1763

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (540).. (1529)

<400> 71

```

gatgoggctg tgattgctga attgtctggg caggttttga gtctctggca agtccccctg 60
actgtgcata cctctggaga cgaagaggag ggggaggcct gtctctctg ggatccattg 120
gtcacatccc cctgaggatt cccgaatgcc tacctccagt gtctcaaca tggagtctg 180
aagtccatgt ggctcttcac agtgaatcag gtgttaagga agatgcagag acgccacagc 240
agcaacacgg ataacattcc acctgaaagc tgtgaccaag gctggccctt ctggggaact 300
gggggccatt gaacttgaag actgcagagc cagcggtcct tgggatccg agaaaccgca 360
gccaggcgct cagctccgag gcgagtgtgg atgaaggtgg cgtctttgag agtctgaagg 420
cagaggcagc ctccccacca gcgctcttct cgggcttate aggcagcctc cccaccagct 480
cgttccccct cagcctggtg ctgggtcctt cggctggcgg cggggacgtg ttcatccaag 540

```

81/175

```

tgcccgctc cagggaggaa ggagggggcc ggggcgaggg gggcgccctac caccaccgcc 600
agccccacca ccatttcac catgggggcc acccgggggg ctccctgctg cagcacgtgg 660
gtgggggacca cggggggcac tcggaggagg gaggcgacga gcagcctggg acggccggcc 720
ccgcccgtgc cgagctgaag gctgtgatct gctggctcca gaaaggactc cccttcatcc 780
tgatcctcct ggccaaactg tgctttcagc ataagctcgg cattgctgtg tgcatcgga 840
tggccagcac cttgcctat gccaaactcca cgcttcgaga acaggtctca ctgaaggaga 900
agaggtcagt gctggtcatc ttgtggatcc tggcctttct ggcggggaac accctctatg 960
tgctttatac attcagctcc cagcagctgt acaacagcct catattcctg aagcccaacc 1020
tggagatgct ggacttcttt gacctgctat ggattgtggg gatcgagac tttgttctga 1080
agtacatcac catcgccctc aagtgcctca tcgtggccct gcccaagatc atcctggcgg 1140
tcaagtccaa gggaaagtic tatctggta tcgaggagct gagccagctg ttccgatccc 1200
ttgtcccat ccagctgtgg tacaataca tcatgggtga cgactcctcc aacagctact 1260
tcctgggggg ggtcctgac gtctctaca gcctctgcaa gtccctcgac atctgtggac 1320
gtgtggggcg agttaggaaa gccctgaagc ttctotgtac ctctcagaac tatggagtcc 1380
gagccaccgg gcagcagtc acagaagctg gtgacatctg cgccatctgt caggccgagt 1440
tccgagagcc tctgattctc ctgtgccaga tgotgttgaa ggggcacaag aaattggagc 1500
tggagaagat tgatgaaagt gcaggtgtgt aaggaaatag aacagtctgc tgggagtcag 1560
acctggaatt ctgattccaa actctttatt actttgggaa gtcactcagc ctccccgtag 1620
ccatctccag ggtgacggaa cccagtgtat tacctgctgg aaccaaggaa actaacaatg 1680
taggttaacta gtgaataccc caatggtttc tccaattatg cccatgccac caaacaata 1740
aaacaaaatt ctctaacaact gat 1763

```

<210> 72

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 72

```

Met Pro Ala Ser Arg Glu Gly Gly Gly Arg Gly Glu Gly Gly Ala
  1           5           10           15
Tyr His His Arg Gln Pro His His His Phe His His Gly Gly His Arg
  20           25           30
Gly Gly Ser Leu Leu Gln His Val Gly Gly Asp His Arg Gly His Ser
  35           40           45
Glu Glu Gly Gly Asp Glu Gln Pro Gly Thr Pro Ala Pro Ala Leu Ser
  50           55           60
Glu Leu Lys Ala Val Ile Cys Trp Leu Gln Lys Gly Leu Pro Phe Ile
  65           70           75           80
Leu Ile Leu Leu Ala Lys Leu Cys Phe Gln His Lys Leu Gly Ile Ala
  85           90           95
Val Cys Ile Gly Met Ala Ser Thr Phe Ala Tyr Ala Asn Ser Thr Leu
 100           105           110
Arg Glu Gln Val Ser Leu Lys Glu Lys Arg Ser Val Leu Val Ile Leu
 115           120           125
Trp Ile Leu Ala Phe Leu Ala Gly Asn Thr Leu Tyr Val Leu Tyr Thr
 130           135           140
Phe Ser Ser Gln Gln Leu Tyr Asn Ser Leu Ile Phe Leu Lys Pro Asn

```

82/175

145 150 155 160
 Leu Glu Met Leu Asp Phe Phe Asp Leu Leu Trp Ile Val Gly Ile Ala
 165 170 175
 Asp Phe Val Leu Lys Tyr Ile Thr Ile Ala Leu Lys Cys Leu Ile Val
 180 185 190
 Ala Leu Pro Lys Ile Ile Leu Ala Val Lys Ser Lys Gly Lys Phe Tyr
 195 200 205
 Leu Val Ile Glu Glu Leu Ser Gln Leu Phe Arg Ser Leu Val Pro Ile
 210 215 220
 Gln Leu Trp Tyr Lys Tyr Ile Met Gly Asp Asp Ser Ser Asn Ser Tyr
 225 230 235 240
 Phe Leu Gly Gly Val Leu Ile Val Leu Tyr Ser Leu Cys Lys Ser Phe
 245 250 255
 Asp Ile Cys Gly Arg Val Gly Gly Val Arg Lys Ala Leu Lys Leu Leu
 260 265 270
 Cys Thr Ser Gln Asn Tyr Gly Val Arg Ala Thr Gly Gln Gln Cys Thr
 275 280 285
 Glu Ala Gly Asp Ile Cys Ala Ile Cys Gln Ala Glu Phe Arg Glu Pro
 290 295 300
 Leu Ile Leu Leu Cys Gln Met Leu Leu Lys Gly His Lys Lys Leu Glu
 305 310 315 320
 Leu Glu Lys Ile Asp Glu Ser Ala Gly Val
 325 330

<210> 73

<211> 3493

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (40)..(396)

<400> 73

agaccggaaa cggaggagag cgcgggggat gtgtttggca tggggacgca ctgttacagt 60
 tgogctcctg gttggctttg tgtttccgcg gtgttggttag agtctcgggtg tttctacctc 120
 ttagcaccot ttcctgcoac cttttgttoct gtggaagccc ggagacatca gcggctgcaa 180
 ttttgctact cgctgctcgg catggaacgg tcaggtaccg cagttcagcg ctcttggccc 240
 cgcaggctct cgggcatccc cgtgcccogt gctgtacatt cagttatcct ccgacttccc 300
 ggggtogaag gtattacctg ctgggtttta gaattattt gtttacatct gagaaaagaa 360
 aaatcccaga aagataagat gacttgccca agatcatagc gtgcctggaa gacagtgtc 420
 cgattacaag ctggctcgtg tgcctcattc gtctgtcat caactcctgt cagtttatcc 480
 aagctccaaa agcgaagttg ttttagotit tgcctccaa gatttatitg atagtctcat 540
 ttctgtttcc ttctgtttatt ctttcttca ttattggaaa actttacagc gtgccagtac 600
 tggtcataaa ccccgatgtg tcttaggcct tagtgagctg tgaggtgcat gaccttaggt 660
 aagttacttc tctgattttc agtttcctta tctgcaaaat ggagacctta gggagttaat 720
 gtgggtatga gaaatgtaca taaaacatat tgcacaaggt gaggcatgta gtgtatgcta 780

```

ataaatggtg agttgctgct gctatggttg ttaacaataa ttataaaaag caaatggaaa 840
aggottgaat tgaaaaaaat ttagacacat agttttttto cttattagcc tgcactgtat 900
ttttcatttt ttttaatgca tctttccagg acaaaaaata atatccaaag atattttggc 960
actaacagcg ctatctgtag caagaaagtt gagcagtgtg aactgttgag acttccaaga 1020
agacttcaga gaaccaagac agtgtaaagg aaaacaggaa aaaagacttg ttagacatta 1080
ttaagggcac gaaagttgaa ttgagcacag taaatgtaca aacaacaaag ccaccaacaa 1140
gaagtccact taaaagctac aactggcccg cctcaaagag ctacagagca tgctccaaag 1200
aagagaaatg agcccggtgag tcctgagttg gtggcagctg catctgctgc tctgttttga 1260
caagcaaaca agccagaact gctcaggcag ctccgtagca tgaggaggag tcaggggcac 1320
agagagatgg agagagacct agttagagag cgaacctatg gctggattta gccagtcctg 1380
catttttcta tacttcaa ataaacgggc catgtttcac atctacccat gatgaatagg 1440
ggtactttga ttaagaataa atagagctga ctgaattotg aacaagaaaa acatattcaa 1500
ggggaagaga tgtaatagtt ttgacgtgac gacagttact aaagaagcac ctgaacagac 1560
acatcacctt cactttggga tgtggaattt gctaaataag ccacagaaaa tgaacatccc 1620
ttcagaatgg gtttgaagag ctgatccagt ggattaaaga ggggaaactg ggagtttcca 1680
gttaacaatg aagcaggago tgactaaggo tttggaacag aaaccagatg atgcacaata 1740
ttattgtcaa agagcttatt gtcacattct tcttgggagt tactatggat ctgtaataaa 1800
ctgacgaaaa acccatctgt ttctacgtag ttgctgttgc cgacacaaag aagtcttatg 1860
aactcaatcc aaataattcc actgctatgc tgagaaaagg gggctggogg catggagtot 1920
tgctctgtca cccatcctcg agtgcaatgg caccatctta gttcactgca gccttgaatt 1980
ccagggtcgc agccatcctt ctgcctctgc ctctgagta ggtgggacta caggcatgtg 2040
ccaccatact gagctaattt gttaaacaat tttttttag agacgaggto ttgctaogtt 2100
tcccagactg gtototgaac tcccgccctc aagtatcct actgccttgg cctcccaaag 2160
tactggcata atagacatga gccactgcac ctggctccta agttcttttc ttgaataata 2220
tctttctttt tttttatttt ttgaggtgga gtctcaccct gttgcccagg ctggagtgoa 2280
atggcgtgat ctgggtcac tgcaacttct acctcccggg ttcaagtgat tctcctgcct 2340
cagcctcctg aatagctagg attacaggcg tgcgtacca cgcttgcta attttttgtg 2400
tcttttagtag agatgoggtt tcaccatgtt ggccaggott gtctcgaact cttgacctcg 2460
tgatccacco gccttggcct cccaaagtgt tgggattaca ggcgtgagcc accacgocctg 2520
gccaagtaat atcttaatat catgccattg acatttatcc tctaattatt tcagagggtg 2580
ccttcagaag aaggocctct ttgtaaaatt gctattgagg atatttcaat gaaaaacaaa 2640
tttatcttta aatttaaatc caggaaaaat ttaaacttcc aggcctctat ttttatoaga 2700
cagggtaaaa aatttataac tcagaatatt acccttiocc ctcttttgtt gatggattgc 2760
ttggttttag ttactgatta tttaaaataa taagttatcc aaatctagga ttttgataca 2820
atagttcttc tctagaatat agtgtgtgtg tgagagtata tttaaaattt ttattaaggc 2880
ccatggggca gcctttgagg aaaccagacc ttggggatcg ccaggcagga ttagtggcag 2940
gaattgagag aacagagccc cacagagctc ctcggggacc gtccccaggt cacaagagta 3000
tctcaaggaa gtagtcttct cccacatccc ccaaagataa ctaccagagg gtcagttctc 3060
tgagcccttc tcagtgtaga aaagacaagt gtcaaagott ccccactcac cctgagtttg 3120
ccttctatga caatacgtcg tttggcctca ctgaggotga gcagaggatg ctggacctcc 3180
caggatattt tgggtcaaat gaagaggatg aaaccacaag tacaacttagc gtggagaagc 3240
tggtgatcta gactgagaat cagcctgagc ttaacacago tgggtgtgc tactcgcgtt 3300
tttagacctt ttgtgtaact atttgtaccg taggacagaa tgtgaggagg aagtaacaca 3360
cacagaggag gatgtgtgtg tgtgcatgtg tttgaattca caaggaagaa attatttatc 3420
ttgagctttt tcctttgtta ttcagttttt attggtttat tactaataat gataataaaa 3480
tgtaaacaa agc 3493

```

84/175

<210> 74
 <211> 119
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 74
 Met Gly Thr His Cys Tyr Ser Cys Ala Pro Gly Trp Leu Cys Val Ser
 1 5 10 15
 Ala Val Leu Val Glu Ser Arg Cys Phe Tyr Leu Leu Ala Pro Phe Pro
 20 25 30
 Ala Thr Leu Cys Pro Val Glu Ala Arg Arg His Gln Arg Leu Gln Phe
 35 40 45
 Cys Tyr Ser Leu Leu Gly Met Glu Arg Ser Gly Thr Ala Val Gln Arg
 50 55 60
 Ser Trp Pro Arg Arg Ser Ser Gly Ile Pro Val Pro Arg Ala Val His
 65 70 75 80
 Ser Val Ile Leu Arg Leu Pro Gly Val Glu Gly Ile Thr Cys Trp Val
 85 90 95
 Leu Glu Ser Ile Ala Leu His Leu Arg Lys Glu Lys Ser Gln Lys Asp
 100 105 110
 Lys Met Thr Cys Pro Arg Ser
 115

<210> 75
 <211> 2654
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (98).. (1027)

<400> 75
 ccccgccctcc gcccccggct ggctgagot ggggtgttcc tgcctctctc agtcggggtt 60
 tggagactcc tgcgtccctcc gacttttctg ggaagagatg tcaggagaaa gtgtgggtgag 120
 ctcagcgggtg ccagcggctg ctaccgcgcac cacttccttc aagggaacga gcccagctc 180
 caaatacgtg aagctgaatg tgggtggagc cctctactat accaccatgo agacgtgac 240
 caagcaggac accatgctga aggccatgtt cagcgggcgc atggaagtgc tcaccgacag 300
 tgaaggctgg atcctcattg accgctgtgg gaagcacttt ggtacgatac tcaactacct 360
 tcgagacggg gcggtgcctt taccgcagag ccgcggggag atcgaggagc tgctagcaga 420
 agccaagtac tacctagtcc aaggcctggt ggaagagtgc caggcggccc taaaaacaa 480
 agatacttat gagcctttct gcaaggtooc tgtgatcacc tcaccaagg aagaacaaaa 540
 acttatagcg acttcaaata agccagcogt gaagttgctc tacaacagaa gtaacaacaa 600
 atactcatat accagcaatt ctgacgacaa tatgttgaaa aacattgaac tgtttgataa 660
 gctgtctctg cgtttaacg gaagggtcct gttcataaag gatgttattg gggatgaaat 720
 ctgctgtctg tcttttatg gtcagggcgc gaagattgct gaagtctgtt gtacctccat 780
 cgtctatgcc actgagaaga aacagaccaa ggtggagttt cccgaagccc ggatttatga 840

85/175

```

ggagaccctg aacattttgc tgtatgaggo ccaggatggo cggggacctg acaatgcgct 900
cctggaggcc acaggcgggg cggcggggcg ctcccaccac ctggacgagg acgaggagcg 960
ggagcggatc gagcgcgtgc ggaggatcca catcaagcgc cctgatgacc gggcccaacct 1020
ccaccagtga gcaggcaaga gaccgagccg ccctcctctc accgccccca ctccctgccg 1080
tgctacaccc agatcctgtg caggctgcog ggccccttct gcttcccttg gagcctggag 1140
atacttttgt aacaagccag atgattattt tggatttgct tgacaaggca aattgattgt 1200
cttgacccag gcgtatgacc cctgtcgttg aacaagctgt gtctaagatc tctacttttc 1260
atgagaatct gagactcttt ggagccaggc tttctcgggt ctcagaggaa aagtatgaat 1320
gagtgtgaag tgtatgtgag aacttttgtt tgcaatattt atttttgttg gtgtcggctt 1380
cctatgtggg ctttttgggt gacactccct taagggttca gtttgacaat tctgagattt 1440
gtcctgcagt tggaggccac cagaggtatc tgagctccct gcttcctatt tcataatcct 1500
ccagccccag cagggtccact cctggttctt gtgtgtttgg cccgggcaca atccccactg 1560
ctttgctaga cgtgctttct gccatgtggc tttgggccta gagcttggtg ataattgcag 1620
cttgtggcag gggaaatatg gctgaatgag cgtctaaatc gttgagacca gtgcaacttt 1680
gggtgcaagg ctttgtttag ggatcaagcc ttttgccacc ttgggctggt ctttggcctg 1740
gtgtcactg ggaccccata tgtctgcgta ggagcagaac tttccatggc agtaagtgtc 1800
cagctctgtt totgttctt tccccaactc cagcccgcgc cagttgttct cctgatggac 1860
ccgactccac tccaggaagg ccactctgacc ctgtgacagg catagctcat aaactacccc 1920
tccctgggat cccgctcctc ttcagcctcc ttcccatga agctgggcta actttctaag 1980
tcattttgct tagaaattca gtgtggccca tacccttgtt cctcccagcc tggcatccag 2040
gcagggacac cctcacacca ccagccccag ggagcttccc tgctataaac acagaccccc 2100
ttgtctttgc ctctgatttt tacacagtgt agagtggcca gcagtgaaca ggttgaggat 2160
gtgcgggtag atagataact ttgggtctgg tttgtgtctg tttcatgtt cgtttaaggg 2220
atatgtgtga ctgtgggtgg ggacgtgtgc ttgtggggca caggtggcgg cccctgctgg 2280
agcccggtg ggcgcagcgc ctatgtagga cgggtgttct cagtgaacct cctcccaggc 2340
tcctctgcac ctgcaaagga acaggagtga gtcgtgactg acaggggtgg ttgagactag 2400
actaggtaga gtagttacca ggagatgtga atgtgcgtca ggtgatggat gggtttgtca 2460
agggaatcgt taccgtttta taccaaagg attaacatgg gcagcctttg acacatgtat 2520
tccaaaaacg agtttatatt ttcaaacggt ttttacagct tagactttgt acttactgcc 2580
ctgcctgtga cagttgtatg ccttcatttt gtatccaaca gcaaagtcta caataaaact 2640
ttaaacaat catg
2654

```

<210> 76

<211> 310

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 76

```

Met Ser Gly Glu Ser Val Val Ser Ser Ala Val Pro Ala Ala Ala Thr
1           5           10           15
Arg Thr Thr Ser Phe Lys Gly Thr Ser Pro Ser Ser Lys Tyr Val Lys
20           25           30
Leu Asn Val Gly Gly Ala Leu Tyr Thr Thr Met Gln Thr Leu Thr
35           40           45
Lys Gln Asp Thr Met Leu Lys Ala Met Phe Ser Gly Arg Met Glu Val
50           55           60
Leu Thr Asp Ser Glu Gly Trp Ile Leu Ile Asp Arg Cys Gly Lys His

```


86/175

65				70				75				80			
Phe	Gly	Thr	Ile	Leu	Asn	Tyr	Leu	Arg	Asp	Gly	Ala	Val	Pro	Leu	Pro
				85					90					95	
Glu	Ser	Arg	Arg	Glu	Ile	Glu	Glu	Leu	Leu	Ala	Glu	Ala	Lys	Tyr	Tyr
			100					105					110		
Leu	Val	Gln	Gly	Leu	Val	Glu	Glu	Cys	Gln	Ala	Ala	Leu	Gln	Asn	Lys
		115					120					125			
Asp	Thr	Tyr	Glu	Pro	Phe	Cys	Lys	Val	Pro	Val	Ile	Thr	Ser	Ser	Lys
	130					135					140				
Glu	Glu	Gln	Lys	Leu	Ile	Ala	Thr	Ser	Asn	Lys	Pro	Ala	Val	Lys	Leu
	145			150						155					160
Leu	Tyr	Asn	Arg	Ser	Asn	Asn	Lys	Tyr	Ser	Tyr	Thr	Ser	Asn	Ser	Asp
				165					170					175	
Asp	Asn	Met	Leu	Lys	Asn	Ile	Glu	Leu	Phe	Asp	Lys	Leu	Ser	Leu	Arg
			180					185					190		
Phe	Asn	Gly	Arg	Val	Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Val	Ile	Gly	Asp	Glu	Ile
	195					200					205				
Cys	Cys	Trp	Ser	Phe	Tyr	Gly	Gln	Gly	Arg	Lys	Ile	Ala	Glu	Val	Cys
	210					215					220				
Cys	Thr	Ser	Ile	Val	Tyr	Ala	Thr	Glu	Lys	Lys	Gln	Thr	Lys	Val	Glu
	225			230						235					240
Phe	Pro	Glu	Ala	Arg	Ile	Tyr	Glu	Glu	Thr	Leu	Asn	Ile	Leu	Leu	Tyr
			245						250				255		
Glu	Ala	Gln	Asp	Gly	Arg	Gly	Pro	Asp	Asn	Ala	Leu	Leu	Glu	Ala	Thr
		260				265							270		
Gly	Gly	Ala	Ala	Gly	Arg	Ser	His	His	Leu	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Arg
	275					280					285				
Glu	Arg	Ile	Glu	Arg	Val	Arg	Arg	Ile	His	Ile	Lys	Arg	Pro	Asp	Asp
	290				295						300				
Arg	Ala	His	Leu	His	Gln										
305				310											

<210> 77

<211> 2517

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (274).. (687)

<400> 77

```

ttctacaggg atctggacaa ctctcctctg tccccacctt caccaaggac caaaagcaga 60
acgcatactc gggcactcaa gaagttaagt gaggtgaaca agcgcctcca ggatctccgt 120
tcctgtctga gccccaagcc acctcagggt caagagcaac agggccaaga ggatgaagtg 180
gtcttggtgg aaggggccac cctcccagag acccccgcac tcttccact caaatccgt 240
tgccgggtg acctggtcag attgcccctc aggatgtcgg agcccctgca gagtgtggtg 300

```

87/175

```

gaccacatgg ccacccacot tggggtgtcc ccaagcagga tccttttgct ttttgagag 360
acagagctat cacctactgc cactcccagg accctaaagc toggagtggc tgacatcatt 420
gactgtgttg tactaacaag ttctccagag gccacagaga cgtcccaaca gctccagctc 480
cgggtgcagg gaaaggagaa acaccagaca ctggaagtot cactgtctcg agattccct 540
ctaaagaccc ttatgtccca ctatgaggag gccatgggac tgtogggacg gaagctctcc 600
ttcttctttg atgggacaaa gctttcaggc agggagctgc cagctgacct gggcatggaa 660
tctggggacc tcattgaggt ctggggctga caccocactc cctgtttgac ggcccagcct 720
ggacttgggg agaatgactt tccctttttt gcccataag ggctagcata agctgaggta 780
gaacttatct ttaagctgca gcaaaatcaa ggagtgactt ttgtccctc tcctgttgac 840
cctgttttag agccgttaac cacttgggtga gttatgtggg tgttgttgcc ctgggtggcc 900
tgtggctccg tccacaagtc atgctgagtt ttgcagcctc tgtgacttgg agatgtccct 960
tcacccctcc cctttcacca ccctcctctt ttctcctatg aaatgtctgc tttatgaaac 1020
tatgcacata ttgaaagtga gttgaaacaa atgagggttg gtaggagct tccaggcctg 1080
ggatttacac cagcctagc ccagcagagg ccttagtccc atttggggct tgggagtga 1140
atttgcctga ggcttatata ctggtgtggt tgcctggctt gcaggaaatg accaagctca 1200
cacatgctgg ctgaagccta agcagacaac tgaggctactc tttgaagga tgaaggtggt 1260
ggattctcag ccctgggggt cttcctcacc tgaggaccct tcagagccac cctttctagt 1320
ttgcatttcc tgggtgcacac atttaaggca taacagcaca ttcctccctt tggtttggga 1380
tctcaggaat acagtcccat gcaaagattc totggtttta tggctttttt ccttttcttt 1440
acaccatcct ctcccataag caccatgtc tttgaatatg aatgtatttg taaaatacca 1500
cgtttcatgt gtgaatatgt gottttactg tacatagtgc tattgtgcaa taggtcttat 1560
gctgttttca ctcaatgtgt gctaagatct agccccattg actcttctag aaatgcagta 1620
ttgctttgac ctgccatgtg gcactccaca atgtcaattg cagtttacac acattgccta 1680
aagtggggga cacctgggtg cccctgaccc cttggcaccg gatacaggcc acgataaaca 1740
tcctttcgtg tgttcccttc tgtgcttgtg tggcatgtgt acccaggatg ggccatagga 1800
tcacagaggt cagtttctct ttggttttcc agattttctt tagaacggtg actgaccctc 1860
ctacttgagg ccgccctttt ctcttatcc ttgccagcac ttgtattgcc agactaccta 1920
atttttgcca gtctcatggg tagatagtgg tgcagtgtt taacatacat tcactctgac 1980
agcattaatt tggggaattt tttaacttag ctttctgtgt ttcccttctt gtgcattgcc 2040
cattttctca tggagtttct tatctttttt ggtttattct caggagtgc ttgtacattc 2100
ttgggaatt gcagataatt ccaagaatgc atatttgggc tgggtatgga ggttcaactg 2160
taatcccagc actttgggag gcccaggcag aaggatogct gcagcccagg agttcgagac 2220
tagcctgggc aacatagcga gacctcgtct ctacaaaaaa aaattaaaaa gggggctttg 2280
ggaggccaag gcgggcagat catgagggca ggagattgag accctcctgg ccaacatggt 2340
gaaacccgt ctctactaaa atacaaaaaa ttagctgggc atggtgggc acacctgtag 2400
tccagctac tctggaggct gaggcagggg aatogottaa acccaggagg cggagattgc 2460
agttagccaa ggttccacca ctgcactcca gcctggcgac agagcaaggc tccactc 2517

```

<210> 78

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 78

Met Ser Glu Pro Leu Gln Ser Val Val Asp His Met Ala Thr His Leu

1

5

10

15

Gly Val Ser Pro Ser Arg Ile Leu Leu Leu Phe Gly Glu Thr Glu Leu

20										25					30				
Ser	Pro	Thr	Ala	Thr	Pro	Arg	Thr	Leu	Lys	Leu	Gly	Val	Ala	Asp	Ile				
35				40				45											
Ile	Asp	Cys	Val	Val	Leu	Thr	Ser	Ser	Pro	Glu	Ala	Thr	Glu	Thr	Ser				
50				55				60											
Gln	Gln	Leu	Gln	Leu	Arg	Val	Gln	Gly	Lys	Glu	Lys	His	Gln	Thr	Leu				
65				70				75				80							
Glu	Val	Ser	Leu	Ser	Arg	Asp	Ser	Pro	Leu	Lys	Thr	Leu	Met	Ser	His				
85				90				95											
Tyr	Glu	Glu	Ala	Met	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Lys	Leu	Ser	Phe	Phe	Phe				
100				105				110											
Asp	Gly	Thr	Lys	Leu	Ser	Gly	Arg	Glu	Leu	Pro	Ala	Asp	Leu	Gly	Met				
115				120				125											
Glu	Ser	Gly	Asp	Leu	Ile	Glu	Val	Trp	Gly										
130				135															

<210> 79
<211> 2901
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (91).. (1974)

<400> 79

gcatttgcgg	ccggcgccag	ggtggagagt	tgtgogcgg	tcotggggcc	tgagctccgg	60
ctccggctgg	ggcgccctgg	atgtctcaag	atggcggagc	tgggcgaatt	aaagcacatg	120
gtgatgagtt	tccgggtgtc	tgagctccag	gtgcttcttg	gctttgctgg	ccggaacaag	180
agtggacgga	agcacgagct	cctggccaag	gctctgcacc	tcctgaagtc	cagctgtgcc	240
cctagtgtcc	agatgaagat	caaagagott	taccgaogac	gctttccccc	gaagaccctg	300
gggcccctctg	atctctccct	tctctctttg	ccccctggca	cctctcctgt	aggctccccc	360
ggtcctctag	ctccatttcc	cccaacgctg	ttggcccctg	gcaccctgct	gggccccaaag	420
cgtgagggtg	acatgcaccc	ccctctgccc	cagcctgtgc	accctgatgt	caccatgaaa	480
ccattgccct	totatgaagt	ctatggggag	ctcatccggc	ccaccaccct	tgcattccact	540
tctagccagc	ggtttgagga	agcgcacttt	acctttgccc	tcacacccca	gcaagtgcag	600
cagattctta	catccagaga	ggttctgcca	ggagccaaat	gtgattatac	catacagggtg	660
cagctaaggt	totgtctctg	tgagaccagc	tgcccccagg	aagattattt	tccccccaaac	720
ctctttgtca	aggtcaatgg	gaaactgtgc	cccctgccgg	gttaccttcc	cccaaccaag	780
aatggggcgg	agcccaagag	gccagccgc	cccatcaaca	tcacaccccc	ggctcgactc	840
tcagccactg	ttcccaacac	catttgtgtc	aattggtcat	ctgagttcgg	acggaattac	900
tccttgtctg	tgtacctggt	gaggcagttg	actgcaggaa	cccttctaca	aaaactcaga	960
gcaaagggtg	tccggaaccc	agaccactcg	cgggcaactg	tcaaggagaa	attgactgct	1020
gaccctgaca	gtgagggtgg	cactacaagt	ctccgggtgt	cactcatgtg	cccgttaggg	1080
aagatgcgcc	tgactgtccc	ttgtcgtgcc	ctcacctgcg	cccacctgca	gagcttcgat	1140
gctgcccttt	atctacagat	gaatgagaag	aagcctacat	ggacatgtcc	tgtgtgtgac	1200
aagaaggctc	cctatgaatc	tcttatcatt	gatggtttat	ttatggagat	tcttagttcc	1260

89/175

```

tggtcagatt gtgatgagat ccaattcatg gaagatggat cctgggtgcc aatgaaaccc 1320
aagaaggagg catctgaggt ttgccccccg ccagggtatg ggctggatgg cctccagtac 1380
agcccagttcc agggggggaga tccatcagag aataagaaga aggtcgaagt tattgacttg 1440
acaatagaaa gctcatcaga tgaggaggat ctgcccccta ccaagaagca ctgttctgtc 1500
acctcagctg ccatcccggc cctacctgga agcaaaggag tcctgacatc tggccaccag 1560
ccatcctcgg tgctaaggag cctgctatg ggcacgttgg gtggggattt cctgtccagt 1620
ctcccactac atgagtaccc acctgccttc ccactgggag cagacatcca aggtttagat 1680
ttattttcat ttcttcagac agagagtcag cactatggcc cctctgtcat cacotcacta 1740
gatgaacagg atgcccttgg ccacttcttc cagtaccgag ggaccccttc tcactttctg 1800
ggcccactgg ccccccacgt ggggagctcc cactgcagcg ccactccggc gccccctcct 1860
ggcctgttca gcagcattgt gggccctggg ggggccttga gggaggggca tggaggaccc 1920
ctgcccctcag gtccctcttt gactggctgt cggtcagaca tcatttccct ggactgagtt 1980
ccctggatta tggaaacttc gctgtcccc aacactgagc aagtatgctg tggagtccca 2040
accccagcta ctctgatccc totgggggct ctggccaagg gccagacaga ccttcacaga 2100
tgccactttt tggcctcctc totgcctgac aaggccagca cccaaagggt taatatttaa 2160
cctcttttta aggacactgg ggtctgttcc tggaaatgtt ctttagatgg tggcacatcc 2220
ctttgggtat gttaacctag gcagtgggag gcaaatggga tggatatgta gctaggagaa 2280
gggctgaacc ctacgacctg actatgtcta gagcctcttg gggaaggggc acctctcttg 2340
aaccctaaat gctctctctt ctattacc ccaaccatgg ctctatttct tcttcacatc 2400
cattgtctct tcatgtctat tccattccct tcggccaaac agacagggtg aaaaactgag 2460
acaggcagtt tcagagatgg acagagaact ttattttgga ttgtggatgt ggactttttt 2520
gtacataaat aagaaaaaac aaaatactcc aaagatgaat tcccctgcct cctactccag 2580
tatgacagag gaggatgtaa ggccttagcc atgatctgca ggggtctggg agtcaggccc 2640
ggcctattgc ttgggtctct ctctatttat atatctaagt tcacagtgtt tcttattccc 2700
ccctaagctt ctagaggctc atggccctgt agttaggcct ggctcattct gcacctttcc 2760
agggagggtg aaggaccctg tgccctcctt cccaatcttc tttttcaggc tcgccaaggc 2820
ctaggacctc tgttgaatt ttacttttta tttctaaagt tgtagtgaag ctctcaccac 2880
taataaagggt tgtgaatgtt c
2901

```

<210> 80

<211> 628

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 80

```

Met Ala Glu Leu Gly Glu Leu Lys His Met Val Met Ser Phe Arg Val
1          5          10          15
Ser Glu Leu Gln Val Leu Leu Gly Phe Ala Gly Arg Asn Lys Ser Gly
20          25          30
Arg Lys His Glu Leu Leu Ala Lys Ala Leu His Leu Leu Lys Ser Ser
35          40          45
Cys Ala Pro Ser Val Gln Met Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Arg Arg Arg
50          55          60
Phe Pro Arg Lys Thr Leu Gly Pro Ser Asp Leu Ser Leu Leu Ser Leu
65          70          75          80
Pro Pro Gly Thr Ser Pro Val Gly Ser Pro Gly Pro Leu Ala Pro Ile
85          90          95

```

90/175

Pro Pro Thr Leu Leu Ala Pro Gly Thr Leu Leu Gly Pro Lys Arg Glu
 100 105 110
 Val Asp Met His Pro Pro Leu Pro Gln Pro Val His Pro Asp Val Thr
 115 120 125
 Met Lys Pro Leu Pro Phe Tyr Glu Val Tyr Gly Glu Leu Ile Arg Pro
 130 135 140
 Thr Thr Leu Ala Ser Thr Ser Ser Gln Arg Phe Glu Glu Ala His Phe
 145 150 155 160
 Thr Phe Ala Leu Thr Pro Gln Gln Val Gln Gln Ile Leu Thr Ser Arg
 165 170 175
 Glu Val Leu Pro Gly Ala Lys Cys Asp Tyr Thr Ile Gln Val Gln Leu
 180 185 190
 Arg Phe Cys Leu Cys Glu Thr Ser Cys Pro Gln Glu Asp Tyr Phe Pro
 195 200 205
 Pro Asn Leu Phe Val Lys Val Asn Gly Lys Leu Cys Pro Leu Pro Gly
 210 215 220
 Tyr Leu Pro Pro Thr Lys Asn Gly Ala Glu Pro Lys Arg Pro Ser Arg
 225 230 235 240
 Pro Ile Asn Ile Thr Pro Pro Ala Arg Leu Ser Ala Thr Val Pro Asn
 245 250 255
 Thr Ile Val Val Asn Trp Ser Ser Glu Phe Gly Arg Asn Tyr Ser Leu
 260 265 270
 Ser Val Tyr Leu Val Arg Gln Leu Thr Ala Gly Thr Leu Leu Gln Lys
 275 280 285
 Leu Arg Ala Lys Gly Ile Arg Asn Pro Asp His Ser Arg Ala Leu Ile
 290 295 300
 Lys Glu Lys Leu Thr Ala Asp Pro Asp Ser Glu Val Ala Thr Thr Ser
 305 310 315 320
 Leu Arg Val Ser Leu Met Cys Pro Leu Gly Lys Met Arg Leu Thr Val
 325 330 335
 Pro Cys Arg Ala Leu Thr Cys Ala His Leu Gln Ser Phe Asp Ala Ala
 340 345 350
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Glu Lys Lys Pro Thr Trp Thr Cys Pro Val
 355 360 365
 Cys Asp Lys Lys Ala Pro Tyr Glu Ser Leu Ile Ile Asp Gly Leu Phe
 370 375 380
 Met Glu Ile Leu Ser Ser Cys Ser Asp Cys Asp Glu Ile Gln Phe Met
 385 390 395 400
 Glu Asp Gly Ser Trp Cys Pro Met Lys Pro Lys Lys Glu Ala Ser Glu
 405 410 415
 Val Cys Pro Pro Pro Gly Tyr Gly Leu Asp Gly Leu Gln Tyr Ser Pro
 420 425 430
 Val Gln Gly Gly Asp Pro Ser Glu Asn Lys Lys Lys Val Glu Val Ile
 435 440 445
 Asp Leu Thr Ile Glu Ser Ser Ser Asp Glu Glu Asp Leu Pro Pro Thr
 450 455 460
 Lys Lys His Cys Ser Val Thr Ser Ala Ala Ile Pro Ala Leu Pro Gly
 465 470 475 480

91/175

Ser Lys Gly Val Leu Thr Ser Gly His Gln Pro Ser Ser Val Leu Arg
 485 490 495
 Ser Pro Ala Met Gly Thr Leu Gly Gly Asp Phe Leu Ser Ser Leu Pro
 500 505 510
 Leu His Glu Tyr Pro Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala Asp Ile Gln Gly
 515 520 525
 Leu Asp Leu Phe Ser Phe Leu Gln Thr Glu Ser Gln His Tyr Gly Pro
 530 535 540
 Ser Val Ile Thr Ser Leu Asp Glu Gln Asp Ala Leu Gly His Phe Phe
 545 550 555 560
 Gln Tyr Arg Gly Thr Pro Ser His Phe Leu Gly Pro Leu Ala Pro Thr
 565 570 575
 Leu Gly Ser Ser His Cys Ser Ala Thr Pro Ala Pro Pro Pro Gly Arg
 580 585 590
 Val Ser Ser Ile Val Ala Pro Gly Gly Ala Leu Arg Glu Gly His Gly
 595 600 605
 Gly Pro Leu Pro Ser Gly Pro Ser Leu Thr Gly Cys Arg Ser Asp Ile
 610 615 620
 Ile Ser Leu Asp
 625

<210> 81

<211> 2130

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (186).. (1262)

<400> 81

aagcgcgttc cgggcagctg cgggctccga ggccagagag aaaagactgc gaggtggccg 60
 cagctgtggc cggagagcac aaagaatgaa ccagcagtg aagagaaaat actgtaagct 120
 ggctgactgc tggatgaagaa aatgccttat tttgtggca ggcactctgt ggatctgtaa 180
 tagaaatgat ggctggctgt ggtgaaattg atcattcaat aaacatgctt octacaaaca 240
 ggaaagcgaa cgagtcctgt tctaatactg caccctcttt aacgctccct gaatgtgcca 300
 tttgtctgca aacatgtgtt catccagtcg gtctgccctg taagcacgtt ttctgctatc 360
 tatgtgtaaa aggagcttca tggcttggaa agcgggtgtc tctttgtcga caagaaattc 420
 ccgaggattt ccttgacaag ccaaccttgt tgtoaccaga agaactcaag gcagcaagta 480
 gaggaatgg tgaatatgca tggattatg aaggaagaaa tgggtgggtg cagtacgatg 540
 agcgactag tagagagctg gaagatgctt ttccaaaagg taaaaagaac actgaaatgt 600
 taattgctgg ctttctgtat gtgcgtgac ttgaaaacat ggttcaatat aggagaaatg 660
 aacatggacg tcgcaggaag attaaagcag atataataga tataccaaag aaggagtag 720
 ctggacttag gctagactgt gatgctaata ccgtaaacct agcaagagag agctctgctg 780
 acggagcgga cagtgtatca gcacagagtg gagcttctgt tcagccccta gtgtcttctg 840
 taaggccctt aacatcagta gatggtcagt taacaagccc tgcaacacca tccctgatg 900
 caagcacttc tctggaagac tcttttgcgc atttacaact cagtggagac aacacagctg 960

92/175

```

aaaggagtca taggggagaa ggagaagaag atcatgaatc accatcttca ggcagggtac 1020
cagcaccaga cacctccatt gaagaaactg aatcagatgc cagtagtgat agtgaggatg 1080
tatctgcagt tgttgacag cactccttga cccaacagag acttttggtt tctaatagcaa 1140
accagacagt acccgatcga tcagatcgat cgggaactga tcgatcagta gcagggggtg 1200
gaacagtgag tgcagtgtc agatctagaa ggccctgatgg acagtgcaca gtaactgaag 1260
tttaaataaa aatgtcttca gctccatgct caaggttgaa agggttacct gtaaatcttct 1320
gcccacataa cattatactc atccctagta gtgcattttg ggagttgggg tgggaagggg 1380
tatgggaagg atagactcat aattaaaatg tctaacatgt ctctgttgag aaattttatt 1440
aatgtaagga acttgggtgt taatagttga gagctgttta gtaataaacc agttttcttg 1500
aggtctgttt actttatact ttttaaaaac ttctgtagtt cttttggcca gtgtgtttgt 1560
attatctgtg cattaatggt cctcatctga ctctgcatt gtgtcttatt tttctgcatt 1620
gattggcata agaccattac taaaatttgg cactgtgag atgtttgata ttatgaacag 1680
gaaacataat ttaatgtatg aatagatgtg aatttgggat ttcaaaatag atgaataaca 1740
actattttat agtaaagtta ttgaaatgga aatgaaaaca gccagtaact tatgtttcag 1800
aatgtttgta acacacttca tgggtgttccc ataggctttg ctgtctagtc ttatagtttg 1860
aggttttttt ggtctgcatt tttctttttg attacaaaat ttataattta ataaatacta 1920
gagtttatca aaaacagttt gtctcttgtt tgagggtgga aagggtgtgg aaacattttg 1980
acattttgta ccaaaggatc cttaaaaagt ggtgttttta attggttgtt ttcagottaa 2040
tcacctgctc agaaaagttt gatttttttc ttagagatta tttaaacaga atctataggc 2100
agtgtgtata taataaacat gtatggaaat 2130

```

<210> 82

<211> 359

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 82

```

Met Met Ala Gly Cys Gly Glu Ile Asp His Ser Ile Asn Met Leu Pro
1          5          10          15
Thr Asn Arg Lys Ala Asn Glu Ser Cys Ser Asn Thr Ala Pro Ser Leu
20        25        30
Thr Val Pro Glu Cys Ala Ile Cys Leu Gln Thr Cys Val His Pro Val
35        40        45
Ser Leu Pro Cys Lys His Val Phe Cys Tyr Leu Cys Val Lys Gly Ala
50        55        60
Ser Trp Leu Gly Lys Arg Cys Ala Leu Cys Arg Gln Glu Ile Pro Glu
65        70        75        80
Asp Phe Leu Asp Lys Pro Thr Leu Leu Ser Pro Glu Glu Leu Lys Ala
85        90        95
Ala Ser Arg Gly Asn Gly Glu Tyr Ala Trp Tyr Tyr Glu Gly Arg Asn
100       105       110
Gly Trp Trp Gln Tyr Asp Glu Arg Thr Ser Arg Glu Leu Glu Asp Ala
115       120       125
Phe Ser Lys Gly Lys Lys Asn Thr Glu Met Leu Ile Ala Gly Phe Leu
130       135       140
Tyr Val Ala Asp Leu Glu Asn Met Val Gln Tyr Arg Arg Asn Glu His
145       150       155       160

```

93/175

Gly Arg Arg Arg Lys Ile Lys Arg Asp Ile Ile Asp Ile Pro Lys Lys
 165 170 175
 Gly Val Ala Gly Leu Arg Leu Asp Cys Asp Ala Asn Thr Val Asn Leu
 180 185 190
 Ala Arg Glu Ser Ser Ala Asp Gly Ala Asp Ser Val Ser Ala Gln Ser
 195 200 205
 Gly Ala Ser Val Gln Pro Leu Val Ser Ser Val Arg Pro Leu Thr Ser
 210 215 220
 Val Asp Gly Gln Leu Thr Ser Pro Ala Thr Pro Ser Pro Asp Ala Ser
 225 230 235 240
 Thr Ser Leu Glu Asp Ser Phe Ala His Leu Gln Leu Ser Gly Asp Asn
 245 250 255
 Thr Ala Glu Arg Ser His Arg Gly Glu Glu Glu Asp His Glu Ser
 260 265 270
 Pro Ser Ser Gly Arg Val Pro Ala Pro Asp Thr Ser Ile Glu Glu Thr
 275 280 285
 Glu Ser Asp Ala Ser Ser Asp Ser Glu Asp Val Ser Ala Val Val Ala
 290 295 300
 Gln His Ser Leu Thr Gln Gln Arg Leu Leu Val Ser Asn Ala Asn Gln
 305 310 315 320
 Thr Val Pro Asp Arg Ser Asp Arg Ser Gly Thr Asp Arg Ser Val Ala
 325 330 335
 Gly Gly Gly Thr Val Ser Val Ser Val Arg Ser Arg Arg Pro Asp Gly
 340 345 350
 Gln Cys Thr Val Thr Glu Val
 355

<210> 83
 <211> 2748
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (250).. (1011)

<400> 83
 agactgctgt gctagcaatc agcgagattc cgtgggctga ggaccctctg agccaggtgt 60
 gggatatagt ctctgtgtgc gccgtttcctt aagccggtct gaaaagcgca atattcggat 120
 gggagtgaac cgattttcca ggaactgaag ttaaaagatg aagaatgtga gaggctttca 180
 aaagtgcgag atcaacttgg acaggaattg gaagaactca cagctagtct atttgaggaa 240
 gctcataaaa tggtagagaa agcaaatac aagcaggcaa cagcagaaaa acagctaaaa 300
 gaagcacaag gaaaaattga tgtacttcaa gotgaagtag ctgcattgaa gacacttga 360
 ttgtccagtt ctccaacatc acctacgcag gaggctttgc caggtaggaa gacaccttt 420
 aaaaaggggc atacaagaaa taaaagcaca agcagtgcta tgagtggcag tcatcaggac 480
 ctcagtgtga tacagccaat tgtaaaagac tgcaaagagg ctgacttacc ctgttataat 540
 gaattccgat tgtggaagga tgagcccaca atggacagga ogtgtccttt cttagacaaa 600

94/175

```

atctaccagg aagatatctt tccatgttta acattotcaa aaagtgagtt ggcttcagct 660
gttctggagg ctgtggaaaa caatactcta agcattgaac cagtgggatt acaacctatc 720
cggtttgtga aagcttotgc agttgaatgc ggaggaccaa aaaaatgtgc tctcactggc 780
cagagtaagt cctgtaaaaca cagaattaaa ttaggggact caagcaacta ttattatatt 840
tctccttttt gcagatacag gatcacttct gtatgtaact tttttacata cattcgatac 900
attcagcagg gactcgtgaa acagcaggat gttgatcaga tgttttggga ggttatgcag 960
ttgagaaaag agatgtcatt ggcaaagctg ggttatttca aagaggaact ctgatgctct 1020
gcgtggggacc atgcctgaac tccccgaata actgaaaaat ggctgaatat ttttatggtt 1080
acttgatatt tatttccaag gagtgcgct aagacttttt tccccctttg caaattgctc 1140
taagaagtao catgatttct tttaaactga tctatgctgt gtttgottat tctttagttg 1200
aacacactat gaagaattcc aggtgtacta gtgaatgtaa tttatagttg ccaaaaaaaaa 1260
acaaacctga aataaataaa tgttagattg aatgtgigta ctttttctct tctagctctg 1320
acatggcatt tagggttagc agaatgtatt aaatagtaat tttcaaaacta cacagtagct 1380
tccttcoctg tgagaggcaa gaaagaagtc tgagtggata gtaotoactt tccaaggccc 1440
ccacctctag aatggcttta tttttatctg ttttctatat tgggtttcaa aaaagatttt 1500
atttgaagaa atacttctgc tgctacaaag tttgaaagtt actattttta ttattctgct 1560
ctctgtaact gaaagaatcc ctttattttg gttattcatt aaaatataat agaaggcagt 1620
cagattttat cccagagatg tattcctgag tgtcttgata tagtgtatto atgttttata 1680
tgtgttgacc actatattgt cattggaggg acatagatgt aaatgagttt gacgtgtgtc 1740
aaaggggttt aaaggggtgt ggattgaatg aatggtacgt gcgaagtata tgctgattat 1800
agaaccactt gatctotgca ttccaaattg taaaactgac tcaactggag aaattataac 1860
aaagagggtt gtggtagaaa tgtaataagt atagaaaagc aaaaagaaaa gagaaactgc 1920
tttagtttct gtttagagaa agctgctgtt aatatttttg gatagtagcc tttcagottt 1980
cagatatttt ctacttacat atgcataatt ttgaaacaaa aagtaggctt tttttttgct 2040
ttttaaacct aaacattaaa tatattttcc cttgggtaaa cctacacatc ctaatccctg 2100
tttatagaat tttacataaa ttttaattgt tttggagatg aggtggtttt cagtttattt 2160
ttcatattat aatgctgtga cgagtatcct tatctgtaca cttctgaaca ttgtggagtt 2220
cttcoatgtg gatgcctgga gataaaattg tgcogagata tatatgtatt tttaaatggt 2280
tgatctgcat tgctagattg ccatccagaa aagttaatca atttgtattc acagcagcag 2340
tgtacaagag ggctggtttt ctgaagataa catttttttc agtccgtttc agaggttttg 2400
tcaatccttac ctgtagatga cttcagocac caggctggat gggagcccac agacaaaagg 2460
acattgggtg atgttatggt gaaaaccatc agtaccatgc ctagotcaag aatgtgaaat 2520
tgaacctgaa aaaaactttg aacctacaat tttatgttct gaaaatagtt attctaattg 2580
gagggcatta ataagaatat gtaccatcaa agcatcagaa gattttccat acaaactaaa 2640
atcacttttg gagaaagtac ctaaaataaa agagaaacaa atccaggaga tactgtacgg 2700
tttgaaagaa aggtaatcaa atactcagaa aaagtittgt gatgactt 2748

```

<210> 84

<211> 254

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 84

Met Val Arg Glu Ala Asn Ile Lys Gln Ala Thr Ala Glu Lys Gln Leu

1

5

10

15

Lys Glu Ala Gln Gly Lys Ile Asp Val Leu Gln Ala Glu Val Ala Ala

20

25

30

95/175

Leu Lys Thr Leu Val Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Pro Thr Gln Glu
 35 40 45
 Pro Leu Pro Gly Gly Lys Thr Pro Phe Lys Lys Gly His Thr Arg Asn
 50 55 60
 Lys Ser Thr Ser Ser Ala Met Ser Gly Ser His Gln Asp Leu Ser Val
 65 70 75 80
 Ile Gln Pro Ile Val Lys Asp Cys Lys Glu Ala Asp Leu Ser Leu Tyr
 85 90 95
 Asn Glu Phe Arg Leu Trp Lys Asp Glu Pro Thr Met Asp Arg Thr Cys
 100 105 110
 Pro Phe Leu Asp Lys Ile Tyr Gln Glu Asp Ile Phe Pro Cys Leu Thr
 115 120 125
 Phe Ser Lys Ser Glu Leu Ala Ser Ala Val Leu Glu Ala Val Glu Asn
 130 135 140
 Asn Thr Leu Ser Ile Glu Pro Val Gly Leu Gln Pro Ile Arg Phe Val
 145 150 155 160
 Lys Ala Ser Ala Val Glu Cys Gly Gly Pro Lys Lys Cys Ala Leu Thr
 165 170 175
 Gly Gln Ser Lys Ser Cys Lys His Arg Ile Lys Leu Gly Asp Ser Ser
 180 185 190
 Asn Tyr Tyr Tyr Ile Ser Pro Phe Cys Arg Tyr Arg Ile Thr Ser Val
 195 200 205
 Cys Asn Phe Phe Thr Tyr Ile Arg Tyr Ile Gln Gln Gly Leu Val Lys
 210 215 220
 Gln Gln Asp Val Asp Gln Met Phe Trp Glu Val Met Gln Leu Arg Lys
 225 230 235 240
 Glu Met Ser Leu Ala Lys Leu Gly Tyr Phe Lys Glu Glu Leu
 245 250

<210> 85

<211> 2944

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (265).. (2031)

<400> 85

gtggctgctg cggatgtcgg tgtgagcgag oggcgcctga acacacggcg gctgccgagc 60
 gcctgacccg ggcctgcgcc agagcctgca cggagctccg gggccccaca ccgctaogg 120
 tggccctgcg cccgttgcta ctgaggcggc gtgctctgca ttcttcgctg tccaggcctg 180
 ccggctcttg tgtctgotgg ctctctcttg ctgcctgot ccctcctgct tgctcgagtc 240
 accgcgcgcg ccgcgcgcac agccatggcc gagagtggg aaagcggcgg tcctccgggc 300
 tcccaggata ggcgcgcgg agccgaaggt gctggcgccc ccgcggccgc tgctccgcgc 360
 gagcccaaaa tcatgaaagt caccgtgaag accccgaagg aaaaggagga attcgcctg 420
 ccgagaata gctccgtoca gcagttaag gaagaaatct ctaaactgtt taaatcacat 480

96/175

```

actgaccaac ttgtgttgat atttgctgga aaaattttga aagatcaaga tacottgagt 540
cagcatggaa ttcatgatgg acttactgtt caccttgtca ttaaaacaca aaacaggcct 600
caggatcatt cagctcagca aacaaataca gctggaagca atgttactac atcatcaact 660
cctaatagta actctacatc tggttctgct actagcaacc cttttgggtt aggtggcctt 720
gggggacttg caggctcag tagcttgggt ttgaatacta ccaacttctc tgaactacag 780
agtcagatgc agcgacaact tttgtctaac cctgaaatga tgggccagat catggaaaaat 840
ccctttgttc agagcatgct ctcaaatcct gacctgatga gacagttaat tatggccaat 900
ccacaaatgc agcagttgat acagagaaat ccagaaatta gtcatatgtt gaataatcca 960
gatataatga gacaaacgtt ggaacttgcc aggaatccag caatgatgca ggagatgatg 1020
aggaaccagg accgagcttt gagcaacctc gaaagcatcc cagggggata taatgcttta 1080
aggcgcatgt acacagatat tcaggaaacca atgctgagtg ctgcacaaga gcagtttggg 1140
ggtaatccat ttgcttccct ggtgagcaat acatccctct gtgaaggtag tcaaccttcc 1200
ogtacagaaa atagagatcc actaccaat ccatgggctc cacagacttc ccagagttca 1260
tcagcttcca gggcactgc cagcactgtg ggtggcacta ctggtagtag tgccagtggc 1320
acttctgggc agagtactac tgcgccaaat ttggtgcctg gaggtaggag tagtatgttc 1380
aacacaccag gaatgcagag cttgttgcaa caaataactg aaaaccacac actgatgcaa 1440
aacatgttgt ctgcccccta catgagaagc atgatgcagt cactaagcca gaatcctgac 1500
cttgctgcac agatgatgct gaataatccc ctatttgctg gaaatcccca gcttcaagaa 1560
caaatgagac aacagctccc aactttcctc caacaaatgc ggaatccctg tacactatca 1620
gcaatgtcaa accctagagc aatgcaggcc ttgttacaga ttacagaggg ttacagaca 1680
ttagcaacgg aagccccggg ccttatccca gggtttactc ctggcttggg ggcattagga 1740
agcactggag gctcttcggg aactaatgga tctaacgcca cacctagtga aaacacaagt 1800
cccacagcag gaaccactga acctggacat cagcagttta ttacagcagat gctgcaggct 1860
cttgctggag taaatccctc gctacagaat ccagaagtca gatttcagca acaactggaa 1920
caactcagtg caatgggatt tttgaacogt gaagcaaaact tgcaagctct aatagcaaca 1980
ggaggtgata tcaatgcagc tattgaaagg ttactggggt ccagccatc atagcagcat 2040
ttctgtatct tgaaaaaatg taatttattt ttgataacgg ctcttaaaact ttaaaatacc 2100
tgctttattt cattttgact cttggaatto tgtgtgttta taaacaaacc caatatgatg 2160
cattttaagg tggagtacag taagatgtgt gggtttttct gtatttttct tttotggaac 2220
agtgggaatt aaggctactg catgcatcac ttctgcattt attgtaattt tttaaaaaca 2280
tcacctttta tagttgggtg accagatttt gtcctgcac tgtccagttt atttgctttt 2340
taaacattag cctatggtag taatttatgt agaataaaag cattaaaaag aagcaaatca 2400
tttgcaactc ataatttgtg gtacagtatt gcttattgtg actttggcat gcatttttgc 2460
aaacaatgct gtaagattta tactactgat aattttgttt tatittgtata caatatagag 2520
tatgcacatt tgggactgca tttotggaaa catactgcaa taggcctctc gagcaaaaaca 2580
cctgtaacta aaaaagtga gataagaaaa tactottaaa gctgagtatt tcctaattgt 2640
atagaatctt acagcatctt tgacaaacat ctcccagcaa aagtgcoggt tagtcagggt 2700
tgttgaaaat acagtagaaa agctgattct ggttatctct ttaaggacaa ttaattgtac 2760
agacacataa tgtaacattg tctcaacatt cattcacaga ttgactgtaa attaccttaa 2820
tctttgtgca gactgaagga acaotgtagt ataccccaaa gtgcatttgc ctaggacttc 2880
tcagcttctc ccataggtag tttaacaggc attaaaaatt gtaattgaaa tgttgctttc 2940
actg

```

<210> 86

<211> 589

<212> PRT

<213> Homo sapiens

97/175

<400> 86

Met Ala Glu Ser Gly Glu Ser Gly Gly Pro Pro Gly Ser Gln Asp Ser
 1 5 10 15
 Ala Ala Gly Ala Glu Gly Ala Gly Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ser Ala
 20 25 30
 Glu Pro Lys Ile Met Lys Val Thr Val Lys Thr Pro Lys Glu Lys Glu
 35 40 45
 Glu Phe Ala Val Pro Glu Asn Ser Ser Val Gln Gln Phe Lys Glu Glu
 50 55 60
 Ile Ser Lys Arg Phe Lys Ser His Thr Asp Gln Leu Val Leu Ile Phe
 65 70 75 80
 Ala Gly Lys Ile Leu Lys Asp Gln Asp Thr Leu Ser Gln His Gly Ile
 85 90 95
 His Asp Gly Leu Thr Val His Leu Val Ile Lys Thr Gln Asn Arg Pro
 100 105 110
 Gln Asp His Ser Ala Gln Gln Thr Asn Thr Ala Gly Ser Asn Val Thr
 115 120 125
 Thr Ser Ser Thr Pro Asn Ser Asn Ser Thr Ser Gly Ser Ala Thr Ser
 130 135 140
 Asn Pro Phe Gly Leu Gly Gly Leu Gly Gly Leu Ala Gly Leu Ser Ser
 145 150 155 160
 Leu Gly Leu Asn Thr Thr Asn Phe Ser Glu Leu Gln Ser Gln Met Gln
 165 170 175
 Arg Gln Leu Leu Ser Asn Pro Glu Met Met Val Gln Ile Met Glu Asn
 180 185 190
 Pro Phe Val Gln Ser Met Leu Ser Asn Pro Asp Leu Met Arg Gln Leu
 195 200 205
 Ile Met Ala Asn Pro Gln Met Gln Gln Leu Ile Gln Arg Asn Pro Glu
 210 215 220
 Ile Ser His Met Leu Asn Asn Pro Asp Ile Met Arg Gln Thr Leu Glu
 225 230 235 240
 Leu Ala Arg Asn Pro Ala Met Met Gln Glu Met Met Arg Asn Gln Asp
 245 250 255
 Arg Ala Leu Ser Asn Leu Glu Ser Ile Pro Gly Gly Tyr Asn Ala Leu
 260 265 270
 Arg Arg Met Tyr Thr Asp Ile Gln Glu Pro Met Leu Ser Ala Ala Gln
 275 280 285
 Glu Gln Phe Gly Gly Asn Pro Phe Ala Ser Leu Val Ser Asn Thr Ser
 290 295 300
 Ser Gly Glu Gly Ser Gln Pro Ser Arg Thr Glu Asn Arg Asp Pro Leu
 305 310 315 320
 Pro Asn Pro Trp Ala Pro Gln Thr Ser Gln Ser Ser Ser Ala Ser Ser
 325 330 335
 Gly Thr Ala Ser Thr Val Gly Gly Thr Thr Gly Ser Thr Ala Ser Gly
 340 345 350
 Thr Ser Gly Gln Ser Thr Thr Ala Pro Asn Leu Val Pro Gly Val Gly
 355 360 365

98/175

Ala Ser Met Phe Asn Thr Pro Gly Met Gln Ser Leu Leu Gln Gln Ile
 370 375 380
 Thr Glu Asn Pro Gln Leu Met Gln Asn Met Leu Ser Ala Pro Tyr Met
 385 390 395 400
 Arg Ser Met Met Gln Ser Leu Ser Gln Asn Pro Asp Leu Ala Ala Gln
 405 410 415
 Met Met Leu Asn Asn Pro Leu Phe Ala Gly Asn Pro Gln Leu Gln Glu
 420 425 430
 Gln Met Arg Gln Gln Leu Pro Thr Phe Leu Gln Gln Met Arg Asn Pro
 435 440 445
 Asp Thr Leu Ser Ala Met Ser Asn Pro Arg Ala Met Gln Ala Leu Leu
 450 455 460
 Gln Ile Gln Gln Gly Leu Gln Thr Leu Ala Thr Glu Ala Pro Gly Leu
 465 470 475 480
 Ile Pro Gly Phe Thr Pro Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ser Thr Gly Gly
 485 490 495
 Ser Ser Gly Thr Asn Gly Ser Asn Ala Thr Pro Ser Glu Asn Thr Ser
 500 505 510
 Pro Thr Ala Gly Thr Thr Glu Pro Gly His Gln Gln Phe Ile Gln Gln
 515 520 525
 Met Leu Gln Ala Leu Ala Gly Val Asn Pro Gln Leu Gln Asn Pro Glu
 530 535 540
 Val Arg Phe Gln Gln Gln Leu Glu Gln Leu Ser Ala Met Gly Phe Leu
 545 550 555 560
 Asn Arg Glu Ala Asn Leu Gln Ala Leu Ile Ala Thr Gly Gly Asp Ile
 565 570 575
 Asn Ala Ala Ile Glu Arg Leu Leu Gly Ser Gln Pro Ser
 580 585

<210> 87

<211> 2160

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (197).. (496)

<400> 87

gtctttctgt gtctcggctg aggcagccat cttctctctt ccgogtgctg gtgttggagg 60
 accctccctg cttcagggtg cagctgcag aaagaagaag gtgttacata gaacagccac 120
 agctgatgac aaaaagcttc agattctctt aaaaaactg gctgtgaata atatagctgg 180
 tattgaagag gtgaacatga ttaaagatga tgggacagtt attcatttca acaatcccaa 240
 agtccaagct tccctttctg ctaatacctt tgcaattact ggcatgcag aagccaaacc 300
 aatcacagaa atgcttctg gaattattaag tcagottggg gctgacagtt taacaagcct 360
 taggaagtta gctgaacagt tccaacggca agtcttggac agtaaagcac caaaaccaga 420
 agacattgat gaggaagatg atgatgttcc agattttgta gaaaattttg atgaggcatc 480

99/175

```

aaagaatgaa gctaaactaaa agtttggttt ttggaagctg gcatggacta gatttaacaa 540
atcagctatg tggttccaaa gttttacaga catggagaac atcacctgtt actagttcag 600
taatataaat attttgtata ttaataatgc tgtttgttca gcatttttcg gtcatttgat 660
tttgcatttt gcacttctct ccaggatatt ttttgggtca aaatatgaag tattgggtgca 720
gtttgagggt gttttggttt ttgattctct gttttttgt tttttgtttg gggatatttt 780
gggtgatgta tgtttatgta tgtgtgtggg tatgtgtgta tacagtggag agcaaatgg 840
aaaacagttc tatttatctt cctccctccc cagtagaaat aaaaaaaaaat ctttacattt 900
gttacttttc ttttccccc gtaagacaca gaattaatgg aaagttagta tcttggattt 960
caaatctgaa gagattttta coattagtgg ttgattttta atttgcttgg ttaactatca 1020
tatttttcat acacttctct ggatttaaaa tatcttgagg tattttgcca ctgggttcat 1080
gctggagtaa tgggtaacat atctttggtg tggttgcctt agattaactt acctagtcag 1140
accocagaaga acttctttta ctagcttgct tcctaaatgc ctttttctct ctctttttgg 1200
tctccaaatg gcctgggtcag cttttggtta tattcttctt catcttccac ctagcttgag 1260
aaggatgttc tccatataga gtttagcgag tgcctaattc ctctttttgt aagattttgt 1320
tccctcagct tgaggaacaa ctccatcttc aactttttat ttctccctga tgttacagt 1380
tggtagattt caaactggaa tagctagcat gtcttgcta aataatttta tgcagccct 1440
atctgtatc ctagctgttc ttaacagcag gtacaaaaat gcctgttttt cagcaagggt 1500
gaaattggga atgtctttt gaatcagaag aaaataggcc atagactcat ctcccagcac 1560
aaatgggcat tctatgaaat ggtactggcc ctaggaggat ttctcaacc actctctac 1620
tcttggcctt gaacctacct ctgggttggg tcttactatt gtagctgctc actataacct 1680
cctgcagtct tagaataatg ctttgagggg agcactggta aaacacagta tttattttt 1740
tacctctctt aagaggactt ggaggtaagt tgcattcatt cactoaagtt tccctcttgc 1800
tgtctaatag aagcttactt ttgctatat cagcatttgt tacagccaat atttaaggac 1860
aaaattttag aatatatca ttctctggcc catcatcaaa ctaatacagc ttaaccttgc 1920
agctaccaac ttttgtgtca agctagatat ctttatttga tatctaaggt gcaagaccaa 1980
caatatatta agagatctgt agacatgaag gcaagctct tgtattttt ttcattccaa 2040
cacctcaatt tattttataa attcgttcat ttttctgtt atgttttata taatatatgg 2100
actaaacaaa ataaaataac agtgcaaaag aggagaatat ttctcttgt gcttttctt 2160

```

<210> 88

<211> 100

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 88

```

Met Ile Lys Asp Asp Gly Thr Val Ile His Phe Asn Asn Pro Lys Val
 1             5             10             15
Gln Ala Ser Leu Ser Ala Asn Thr Phe Ala Ile Thr Gly His Ala Glu
      20             25             30
Ala Lys Pro Ile Thr Glu Met Leu Pro Gly Ile Leu Ser Gln Leu Gly
      35             40             45
Ala Asp Ser Leu Thr Ser Leu Arg Lys Leu Ala Glu Gln Phe Pro Arg
      50             55             60
Gln Val Leu Asp Ser Lys Ala Pro Lys Pro Glu Asp Ile Asp Glu Glu
      65             70             75             80
Asp Asp Asp Val Pro Asp Leu Val Glu Asn Phe Asp Glu Ala Ser Lys
      85             90             95

```

100/175

Asn Glu Ala Asn
100

<210> 89
<211> 2551
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (42).. (1883)

<400> 89

```
tagacaaagg aaaaatgcaaa aagcgaggcg acggcttaaa gatggagaac gacccccagg 60
aggcggagtc tgaatgggcc ctggatgctg agttcctgga cgtgtacaag aactgcaacg 120
gggtggcat gatgttogac attaccaagc agtggacott caattacatt ctccgggagc 180
ttccaaaagt gccacccac gtgccagtgt gcgtgctggg aaactacogg gacatggggc 240
agcacogagt catcctgccg gacgacgtgc gtgacttcat cgacaacctg gacagacctc 300
caggttcttc ctacttccgc tatgctgagt cttccatgaa gaacagcttc ggootaaagt 360
accttcataa gttcttcaat atcccatttt tgcagcttca gagggagacg ctgttgoggc 420
agctggagac gaaccagctg gacatggacg ccacgctgga ggagctgtcg gtgcagcagg 480
agacggagga ccagaactac ggcattcttc tggagatgat ggaggctcgc agcctgggcc 540
atgcgtcccc actgggggcc aacgggcaga gccatcccc gggctcccag tcaccagtgg 600
tgctgcagg cgtgtgttc acggggagct ccagccccgg cacaccccag cccgccccac 660
agctgccct caatgtgcc ccaccatcct ctgtgcccc tgtaccaccc tcagaggccc 720
tgccccacc tcgtgcccc tcagcccccg cccacggcg cagcatcctc tctaggctgt 780
ttggacgtc acctgocacc gaggcagccc ctccacctcc agagccagtc ccggccgcac 840
aggccccagc aacggtccag agtgtggagg actttgttcc tgacgaccgc ctggaccgoa 900
gttctctgga agacacaacc cccgccaggg acgagaagaa ggtggggggc aaggctgccc 960
agcaggacag cgacagtgat ggggaggccc tgggcggcaa cccgatggtg gcagggttcc 1020
aggacgatgt ggacctcgaa gaccagccac gtgggagtcc cccgtgcct gcaggccccg 1080
tccccagtca agacatcact ctttcgagtg aggaggaagc agaagtggca gctcccacaa 1140
aaggccctgc ccagctccc cagcagtgtc cagagccaga gaccaagtgg tcctccatac 1200
cagtttcgaa gccacggagg gggacagctc ccacgaggac cgcagacccc cctggccag 1260
gcgtgtctc tgttcgcaca ggtccggaga agcgcagcag caccaggccc cctgttgaga 1320
tgagccggg gaagggtag caggcctcct cgtcggagag tgaccccgag ggaccattg 1380
ctgcacaaat gctgtccttc gtcattgatg acccgactt tgagagcag ggatcagaca 1440
cacagcgcag ggcgatgac tttccgtgc gagatgaccc ctccgatgtg actgacgagg 1500
atgaggggcc tcgcgagccg cccccacccc ccaagctccc tctcccgcc ttcagactga 1560
agaatgactc ggacctcttc gggctggggc tggaggaggc cggacccaag gagagcagt 1620
aggaaggtaa ggagggcaaa acccctcta aggagaagaa gaagaagaag aaaaaaggca 1680
aagaggaaga agaaaaagct gccaaaga agagcaaaac caagaagagc aaggacaagg 1740
aggagggcaa ggaggagcgg cgacggcgcc agcagcgccc cccgcgcagc agggagagga 1800
cggctgccga tgagctggag gcttctctgg gggcggggc cccggcgccg gccaccctg 1860
gggttgccga ctacgaggag ctctaggccg gcgtgggcag tggccgcctt gggcggggg 1920
gcgtgcctgt cactgcctgg ggaggcattt gcctctgtac catgccttt gcogtgcgc 1980
cgtggctgoc gtgtgcctt ctgagctgga agaggccggg cattggtggt cccagggctg 2040
```

101/175

```

ggccctgcag gtgctgggco ttcaggccca gtgtgagcct gctctgcaag aaggaggagg 2100
acagctggct tcagccaggc togggtggaca ccttggccct ctgggggcag agccgccagt 2160
gtttctcagg gatgtgactg agggccagga gggacctgtg aggggtctgt tacagaggct 2220
gggcaggggc cgcttggctg tgggtgtgc gctgcccgg cacctgctg cctccgco 2280
tcattctggg ccgcagcatg cctatggtc cgcttccggc cgggagccct gaacacgggt 2340
gtgcagactc accctaaagg ggggcccagg cccacgcta gaaggctggc gagaccgaag 2400
gcagcatgtg aggcctctcc tgggagtggg gtttgtgtt cccacagtgg cctcagctgc 2460
gcccccgctc aggtgagccc gaaggcagga gccgggaggc actcctcca aacactccac 2520
tcagaccata aagcactcct gtttactot g 2551

```

<210> 90

<211> 614

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 90

```

Met Glu Asn Asp Pro Gln Glu Ala Glu Ser Glu Met Ala Leu Asp Ala
 1           5           10           15
Glu Phe Leu Asp Val Tyr Lys Asn Cys Asn Gly Val Val Met Met Phe
          20           25           30
Asp Ile Thr Lys Gln Trp Thr Phe Asn Tyr Ile Leu Arg Glu Leu Pro
          35           40           45
Lys Val Pro Thr His Val Pro Val Cys Val Leu Gly Asn Tyr Arg Asp
          50           55           60
Met Gly Glu His Arg Val Ile Leu Pro Asp Asp Val Arg Asp Phe Ile
          65           70           75           80
Asp Asn Leu Asp Arg Pro Pro Gly Ser Ser Tyr Phe Arg Tyr Ala Glu
          85           90           95
Ser Ser Met Lys Asn Ser Phe Gly Leu Lys Tyr Leu His Lys Phe Phe
          100          105          110
Asn Ile Pro Phe Leu Gln Leu Gln Arg Glu Thr Leu Leu Arg Gln Leu
          115          120          125
Glu Thr Asn Gln Leu Asp Met Asp Ala Thr Leu Glu Glu Leu Ser Val
          130          135          140
Gln Gln Glu Thr Glu Asp Gln Asn Tyr Gly Ile Phe Leu Glu Met Met
          145          150          155          160
Glu Ala Arg Ser Arg Gly His Ala Ser Pro Leu Ala Ala Asn Gly Gln
          165          170          175
Ser Pro Ser Pro Gly Ser Gln Ser Pro Val Val Pro Ala Gly Ala Val
          180          185          190
Ser Thr Gly Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gln Pro Ala Pro Gln Leu
          195          200          205
Pro Leu Asn Ala Ala Pro Pro Ser Ser Val Pro Pro Val Pro Pro Ser
          210          215          220
Glu Ala Leu Pro Pro Pro Ala Cys Pro Ser Ala Pro Ala Pro Arg Arg
          225          230          235          240
Ser Ile Ile Ser Arg Leu Phe Gly Thr Ser Pro Ala Thr Glu Ala Ala

```


102/175

245 250 255
 Pro Pro Pro Pro Glu Pro Val Pro Ala Ala Gln Gly Pro Ala Thr Val
 260 265 270
 Gln Ser Val Glu Asp Phe Val Pro Asp Asp Arg Leu Asp Arg Ser Phe
 275 280 285
 Leu Glu Asp Thr Thr Pro Ala Arg Asp Glu Lys Lys Val Gly Ala Lys
 290 295 300
 Ala Ala Gln Gln Asp Ser Asp Ser Asp Gly Glu Ala Leu Gly Gly Asn
 305 310 315 320
 Pro Met Val Ala Gly Phe Gln Asp Asp Val Asp Leu Glu Asp Gln Pro
 325 330 335
 Arg Gly Ser Pro Pro Leu Pro Ala Gly Pro Val Pro Ser Gln Asp Ile
 340 345 350
 Thr Leu Ser Ser Glu Glu Glu Ala Glu Val Ala Ala Pro Thr Lys Gly
 355 360 365
 Pro Ala Pro Ala Pro Gln Gln Cys Ser Glu Pro Glu Thr Lys Trp Ser
 370 375 380
 Ser Ile Pro Ala Ser Lys Pro Arg Arg Gly Thr Ala Pro Thr Arg Thr
 385 390 395 400
 Ala Ala Pro Pro Trp Pro Gly Gly Val Ser Val Arg Thr Gly Pro Glu
 405 410 415
 Lys Arg Ser Ser Thr Arg Pro Pro Ala Glu Met Glu Pro Gly Lys Gly
 420 425 430
 Glu Gln Ala Ser Ser Ser Glu Ser Asp Pro Glu Gly Pro Ile Ala Ala
 435 440 445
 Gln Met Leu Ser Phe Val Met Asp Asp Pro Asp Phe Glu Ser Glu Gly
 450 455 460
 Ser Asp Thr Gln Arg Arg Ala Asp Asp Phe Pro Val Arg Asp Asp Pro
 465 470 475 480
 Ser Asp Val Thr Asp Glu Asp Glu Gly Pro Ala Glu Pro Pro Pro Pro
 485 490 495
 Pro Lys Leu Pro Leu Pro Ala Phe Arg Leu Lys Asn Asp Ser Asp Leu
 500 505 510
 Phe Gly Leu Gly Leu Glu Glu Ala Gly Pro Lys Glu Ser Ser Glu Glu
 515 520 525
 Gly Lys Glu Gly Lys Thr Pro Ser Lys Glu Lys Lys Lys Lys Lys
 530 535 540
 Lys Gly Lys Glu Glu Glu Glu Lys Ala Ala Lys Lys Lys Ser Lys His
 545 550 555 560
 Lys Lys Ser Lys Asp Lys Glu Glu Gly Lys Glu Glu Arg Arg Arg Arg
 565 570 575
 Gln Gln Arg Pro Pro Arg Ser Arg Glu Arg Thr Ala Ala Asp Glu Leu
 580 585 590
 Glu Ala Phe Leu Gly Gly Gly Ala Pro Gly Gly Arg His Pro Gly Gly
 595 600 605
 Gly Asp Tyr Glu Glu Leu
 610

103/175

<210> 91
<211> 3133
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (113).. (1879)

<400> 91

```
agcgaccgaa ctctggcggg ggtgggtaag acggcgaagg cggcagcggc ggcgacagct 60
ctggggtttg cgtctcgggg tgtgtoggcc gccgtgctg ctggggcctg gtatgtacag 120
atggotgggt aggattctcg gcaccatttt ccgtttctgc gaccggctcg tgccccctgc 180
cggggccctc ctgaagaggg ggcgcctcaga cagcactctg ttttctacag tggacactga 240
tgaataacca gccaaaagac caagattaga ttgctttatt caocaagtga aaaacagtct 300
ctacaatgct gccagcttat ttggattccc attccagctg accacaaagc ccatggtaac 360
ttctgcttgt aatggaacac ggaatgtggc cccttcagga gaggtatttt cgaactcttc 420
atcttgtgaa ctgacagggt ctggatcctg gaacaacatg ctgaaactgg gtaataaatc 480
tcctaattgga ataagtgact atccaaagat cagagtgcga gttaccggag atcagccacg 540
cagagtcctg ccttcctttg gttttacttt gaactcagaa ggctgtaata gaagaccagg 600
tgcccgctgc catagcaaag gtaatccaga gagtcttta atgtggaaac ctgaggaaca 660
ggctgtaaca gagatgattt ctgaagagag tggcaagggt ctgaggcgtc ccattgttac 720
tgtggaggag ggtgttcaaa aagaggaaag agagaagtac cgaagttat tggaacgact 780
taaagaaagt ggtcatggaa actctgtctg tcctgtaact tcaaattatc acagttctca 840
aagaagtcag atggacacat taaagaccaa aggcctgggg gaagagcaaa atcacggagt 900
caaaacaact cagtttggtc caaaacaata tagacttggt gaaacaaggg gacctctatg 960
ttcattgaga agtgaaaaga ggtgttcaaa ggggaaaatt actgatacag agaagatggt 1020
cggaatcaga ttgtgaaatg aaagtaggag gggataccaa ctggagcctg acctatcaga 1080
agaagtgtcg gcccgactcc gccctggcag tggaaagcaat ggcttactca ggaggaaagt 1140
gtcaataatt gagacaaagg aaaagaattg ctcaggcaaa gagagggaac gaagaacgga 1200
cgatctcctt gaaactacag aggacattga aaaggaaatc agtaatgcc taggccatgg 1260
cccacaggat gaaatcctaa gtagtgcttt caaattgcga attactcgag gagatattca 1320
tacattaaag aactatcact ggctcaatga tgaagtcatt aatttttaca tgaatcttct 1380
ggtggaaaga aataaaaagc aaggctatcc agcacttcat gtattcagta ctttcttcta 1440
tcctaaatta aagtctgggg gttaccaagc agtgaaacga tggaccaaag gggtaaatct 1500
ctttgaacaa gaaattatc tgggtgcctat tcatoggaag gtacattgga gcctggtggt 1560
gattgacctg agaaaaaagt gtcttaataa tctggattct atgggacaaa agggccacag 1620
gatctgtgag attctccttc agtatttaca ggatgaaagt aagaccaaaa gaaatagtga 1680
totgaatctt tttagagtga cccatcacag catgaaacca cagagattc ctcaacagct 1740
gaatgggagt gattgtggaa tgtttacttg taaatatgca gattatatt ctagggacaa 1800
acctatcaca ttactcagc accagatgcc tctcttcgg aagaagatgg tgtgggaaat 1860
ccttcacag cagttgctgt gagaaaaact tgccctggcc ctctagctgc tgggtgttct 1920
ttcacagaca ttccatata cctcatgcct tgtgggttaa aaagtcctg catcacttct 1980
gttctcacag gtactgagct gtcaaaagt catgaaggcc tctcaactga ctctagtct 2040
gacttggggg gcagagggt gcttgcaatc ctgtttgtaa ggctgtgct gctcagagct 2100
ttggactgtt caaccacac aagaacaaac gctaactaat attttttta agagattctt 2160
ttccctatga atgtgggaaa tgcaggattt attctgtgaa ttgtttgttt ctgtgtgttt 2220
```

104/175

```

gttcagcgta ttcatcact cactcgttg caaacataat gggcagtggt catttactgc 2280
tgctcttita cagttagctc taaattactt gtttgaacta tttattctg aaaggaatgt 2340
tactcaagct gccactccct gctgaagagc aggagggaac tctcactggg ggcggaagga 2400
agtggagctg gagcagtaac tgccaacatg aagctggagg gtttgggatt ttttttgtt 2460
ttgttttttt gaggotcaaa aaatgctggg agaaatgaaa atgctgtggg atagggotcc 2520
tgttgccttt cagaggaagt ctgacactac agcgttggca cagtgccgtg aacagtggaa 2580
ctgtgcccaa gggactctga ctatccaagc atcttccgaa gagtgttgtg gtcaccttaa 2640
agagacttcc ctttctggaa atgtggtgac ttggcttagt cttcaaaactg gattcatgga 2700
tttgaagtaa ctgtaaacct taaatcttca tttcatccc agatctggtt gagtataaac 2760
ctcagaattg taggggctgg cctgagctgt ttatttcaaa agatactatt caatttaaag 2820
ctatttttcc tcagagtttt tgttttctat atattaagtc taaattaagt tttctactca 2880
ttaagactaa catctcccca ctccatcccc actgaaattt gtggaagaaa atttagtact 2940
tggtctgag gttgccagtt atacaataat ctattttgca tatgaaagtt tgtatttaac 3000
ttttttgttc attaaaaacc ttactgatat ggttataact tcagacagtt tagagttggt 3060
cagaacatat ttgcaagat ctagtgccta gtgttgcttt tctgatgtaa taaaagtggt 3120
tctggcagaa cct 3133

```

<210> 92

<211> 589

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 92

```

Met Tyr Arg Trp Leu Val Arg Ile Leu Gly Thr Ile Phe Arg Phe Cys
 1             5             10             15
Asp Arg Ser Val Pro Pro Ala Arg Ala Leu Leu Lys Arg Arg Arg Ser
      20             25             30
Asp Ser Thr Leu Phe Ser Thr Val Asp Thr Asp Glu Ile Pro Ala Lys
      35             40             45
Arg Pro Arg Leu Asp Cys Phe Ile His Gln Val Lys Asn Ser Leu Tyr
      50             55             60
Asn Ala Ala Ser Leu Phe Gly Phe Pro Phe Gln Leu Thr Thr Lys Pro
      65             70             75             80
Met Val Thr Ser Ala Cys Asn Gly Thr Arg Asn Val Ala Pro Ser Gly
      85             90             95
Glu Val Phe Ser Asn Ser Ser Ser Cys Glu Leu Thr Gly Ser Gly Ser
      100            105            110
Trp Asn Asn Met Leu Lys Leu Gly Asn Lys Ser Pro Asn Gly Ile Ser
      115            120            125
Asp Tyr Pro Lys Ile Arg Val Thr Val Thr Arg Asp Gln Pro Arg Arg
      130            135            140
Val Leu Pro Ser Phe Gly Phe Thr Leu Asn Ser Glu Gly Cys Asn Arg
      145            150            155            160
Arg Pro Gly Gly Arg Arg His Ser Lys Gly Asn Pro Glu Ser Ser Leu
      165            170            175
Met Trp Lys Pro Gln Glu Gln Ala Val Thr Glu Met Ile Ser Glu Glu
      180            185            190

```

105/175

Ser Gly Lys Gly Leu Arg Arg Pro His Cys Thr Val Glu Glu Gly Val
 195 200 205
 Gln Lys Glu Glu Arg Glu Lys Tyr Arg Lys Leu Leu Glu Arg Leu Lys
 210 215 220
 Glu Ser Gly His Gly Asn Ser Val Cys Pro Val Thr Ser Asn Tyr His
 225 230 235 240
 Ser Ser Gln Arg Ser Gln Met Asp Thr Leu Lys Thr Lys Gly Trp Gly
 245 250 255
 Glu Glu Gln Asn His Gly Val Lys Thr Thr Gln Phe Val Pro Lys Gln
 260 265 270
 Tyr Arg Leu Val Glu Thr Arg Gly Pro Leu Cys Ser Leu Arg Ser Glu
 275 280 285
 Lys Arg Cys Ser Lys Gly Lys Ile Thr Asp Thr Glu Lys Met Val Gly
 290 295 300
 Ile Arg Phe Glu Asn Glu Ser Arg Arg Gly Tyr Gln Leu Glu Pro Asp
 305 310 315 320
 Leu Ser Glu Glu Val Ser Ala Arg Leu Arg Leu Gly Ser Gly Ser Asn
 325 330 335
 Gly Leu Leu Arg Arg Lys Val Ser Ile Ile Glu Thr Lys Glu Lys Asn
 340 345 350
 Cys Ser Gly Lys Glu Arg Asp Arg Arg Thr Asp Asp Leu Leu Glu Leu
 355 360 365
 Thr Glu Asp Met Glu Lys Glu Ile Ser Asn Ala Leu Gly His Gly Pro
 370 375 380
 Gln Asp Glu Ile Leu Ser Ser Ala Phe Lys Leu Arg Ile Thr Arg Gly
 385 390 395 400
 Asp Ile His Thr Leu Lys Asn Tyr His Trp Leu Asn Asp Glu Val Ile
 405 410 415
 Asn Phe Tyr Met Asn Leu Leu Val Glu Arg Asn Lys Lys Gln Gly Tyr
 420 425 430
 Pro Ala Leu His Val Phe Ser Thr Phe Phe Tyr Pro Lys Leu Lys Ser
 435 440 445
 Gly Gly Tyr Gln Ala Val Lys Arg Trp Thr Lys Gly Val Asn Leu Phe
 450 455 460
 Glu Gln Glu Ile Ile Leu Val Pro Ile His Arg Lys Val His Trp Ser
 465 470 475 480
 Leu Val Val Ile Asp Leu Arg Lys Lys Cys Leu Lys Tyr Leu Asp Ser
 485 490 495
 Met Gly Gln Lys Gly His Arg Ile Cys Glu Ile Leu Leu Gln Tyr Leu
 500 505 510
 Gln Asp Glu Ser Lys Thr Lys Arg Asn Ser Asp Leu Asn Leu Leu Glu
 515 520 525
 Trp Thr His His Ser Met Lys Pro His Glu Ile Pro Gln Gln Leu Asn
 530 535 540
 Gly Ser Asp Cys Gly Met Phe Thr Cys Lys Tyr Ala Asp Tyr Ile Ser
 545 550 555 560
 Arg Asp Lys Pro Ile Thr Phe Thr Gln His Gln Met Pro Leu Phe Arg
 565 570 575

106/175

Lys Lys Met Val Trp Glu Ile Leu His Gln Gln Leu Leu
 580 585

<210> 93
 <211> 2987
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (145).. (1926)

<400> 93
 gaaaaacata ctatttccttt gtagtccag aaagaaacat catcttcaga taataagaaa 60
 cagataccta atgaagcttc tgotagaagt gaaagagaca catcagacct agagcaaaac 120
 tggtcattgc aagatcatta tagaatgtat tcaccataaa tataccaagc cctctgtgag 180
 cacgtgcaga ctcagatgtc actgatgaat gacttgactt caaagaacat ccctaattgga 240
 attcctgctg taccatgcc a tgcctccctc cattctgaat ctcaggcaac tcctcattct 300
 agttatggct tatgtacct caccocagtc tggtcacttc agcggccacc ctgccctcca 360
 aagggttcatt ctgaagttca aactgatggc aacagtcagt ttgcatacaca agaggattca 420
 gaaattcaga ggttgattac agaaatggag gcatgtatat ctgtacttcc aacagtaagt 480
 ggaaacacag atattcaagt tgagatagca ctggccatgc aaccattaag aagtgagaat 540
 gctcagttac gaaggcagtt gagaattttg aaccagcaac tcagagaaca acagaaaact 600
 caaaaaccat ctggtgctgt ggattgcaac ctgtgaattgt tttctcttca gtcattgaat 660
 atgtcactgc aaaatcaatt ggaggagtca ctaaagagcc aggaattact gcagagtaaa 720
 aatgaagagc tgttaaaagt gattgaaaat cagaaagatg aaaacaaaaa atttagtagt 780
 atatttaaag acaaagatca aactatactt gaaaataaac agcaatatga tattgagata 840
 acaagaataa aaattgaatt ggaggaagcc ctagtcaatg tgaaaagctc ccagtttaag 900
 ttagaaaactg ctgaaaagga aaaccagata ttggggataa cattacgtca gcgtgatgct 960
 gaggtgactc gactaagaga attaaccaga actttacaga ctatgatggc aaagottctc 1020
 tccgatctta gtgtggacag tgcctgctgc aagcctggga ataacccttac caaatcactc 1080
 ttgaacattc atgataaaca acttcaacat gaccagctc ctgctcacac ttccataatg 1140
 agctatctaa ataagttaga aacaaattac agttttacac attcagagcc actttctaca 1200
 attaaaaatg aggaaccat agagccagac aaaacctatg aaaatgttct gtcctccaga 1260
 ggccctcaga atagtaacac taggggcatg gaggaagcat ctgcacctgg aattatttct 1320
 gccctttcaa aacaggattc tgatgaaggg agtgaaacta tggctttaat agaagatgag 1380
 cataatttgg ataatacaat ttacattcct tttgctagaa goactcctga aaagaaatca 1440
 ccactttcta agagactatc cctcagcca caaataagag cagctacaac acagctagtc 1500
 agcaacagtg gacttgctgt ctctggaaaa gaaaataaac tgtgtacacc tgtaatctgt 1560
 tcctcttcaa caaaggaagc agaagatgca cctgaaaaac tttccagagc atctgatatg 1620
 aaggacacac agctcctcaa gaaaataaag gaagcaattg gtaagatccc tgcgccacc 1680
 aaggagccag aggaacaaac tgcatgtcat ggcccatcag gttgtcttag caacagcctt 1740
 caagtgaag goaatactgt ctgtgatggg agtgttttca cttctgactt gatgtctgac 1800
 tggagcatct cttcgttttc aacgttcaat totc-tgat- aacaagaact cagaaatggc 1860
 cttgcggcat tagatgccaa catagctaga ctccagaagt ctttaaggac tggctctctg 1920
 gagaaatgaa ttcagaagaa aattcatcag gtgcttcttt ttaaaactag aacttggcta 1980
 tattgaatgt gtatttttct ttagtgaaat gatgttttat gttattatgt gtgaagtaat 2040

107/175

```

atattgtaca agtaataaat gtattgttga gatatttga cactgaggag cttataaaaa 2100
caagtcacat taagttcaca attgctacaa gaagaaagt gtggataact aggaaattat 2160
tgtaagtaat gttttatttc agtacttagc aattagagtt cttttattaa gatgtatctg 2220
ctggattaag ggtacagggt gaaatagtgc tgtggctgtc ctaagaaata atgggaaaag 2280
aatctctgga tgtaagtttt tctgttgaaa ctagagggtt tttttttct gtttacatat 2340
actttttttt aatagcaatg tgtttttatt aaacatgotg tgtgccacag gccagtgttg 2400
ttggtgaaat atataaacat ttatttaaag agaaaagtta ccagtatcta cacctcttaa 2460
aaaacattga ttggtctaaa aaatatatag ataacatcct aagttaacat atggcttctt 2520
aaaacttggg cacttttatt tgtttttatc ccaaattcat gttttaaggc ctttaaagaa 2580
tagtcagact gataaagaag tgctaacaga taagctatag ttggggaaat ttgtgggttt 2640
tttttaata agaaatgttt atttttgtcc ttatatttaa acatgatgga atttgtaaatt 2700
cttggcattg attgtaatto tgcotttttg gaagaatttt ttctccagc atgttagctg 2760
agaatattct ctattttata aataatatga agtaggttgg tctctctgct tototatacc 2820
aggacttctt agctcagtat catctccctt catgtaagca gcacgtttta actcttagga 2880
agctgaatgt tgtgttatca ctaatacttt gtacagggtc cctgctact ctaattgtcc 2940
ttagtaactg gacaggcttt atcattaaag agtgtctccc taatccc 2987

```

<210> 94

<211> 594

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 94

```

Met Tyr Ser Pro Ile Ile Tyr Gln Ala Leu Cys Glu His Val Gln Thr
  1           5           10          15
Gln Met Ser Leu Met Asn Asp Leu Thr Ser Lys Asn Ile Pro Asn Gly
  20          25          30
Ile Pro Ala Val Pro Cys His Ala Pro Ser His Ser Glu Ser Gln Ala
  35          40          45
Thr Pro His Ser Ser Tyr Gly Leu Cys Thr Ser Thr Pro Val Trp Ser
  50          55          60
Leu Gln Arg Pro Pro Cys Pro Pro Lys Val His Ser Glu Val Gln Thr
  65          70          75          80
Asp Gly Asn Ser Gln Phe Ala Ser Gln Glu Asp Ser Glu Ile Gln Arg
  85          90          95
Leu Ile Thr Glu Met Glu Ala Cys Ile Ser Val Leu Pro Thr Val Ser
 100         105         110
Gly Asn Thr Asp Ile Gln Val Glu Ile Ala Leu Ala Met Gln Pro Leu
 115         120         125
Arg Ser Glu Asn Ala Gln Leu Arg Arg Gln Leu Arg Ile Leu Asn Gln
 130         135         140
Gln Leu Arg Glu Gln Gln Lys Thr Gln Lys Pro Ser Gly Ala Val Asp
 145         150         155         160
Cys Asn Leu Glu Leu Phe Ser Leu Gln Ser Leu Asn Met Ser Leu Gln
 165         170         175
Asn Gln Leu Glu Ser Leu Lys Ser Gln Glu Leu Leu Gln Ser Lys
 180         185         190

```

108/175

Asn Glu Glu Leu Leu Lys Val Ile Glu Asn Gln Lys Asp Glu Asn Lys
 195 200 205
 Lys Phe Ser Ser Ile Phe Lys Asp Lys Asp Gln Thr Ile Leu Glu Asn
 210 215 220
 Lys Gln Gln Tyr Asp Ile Glu Ile Thr Arg Ile Lys Ile Glu Leu Glu
 225 230 235 240
 Glu Ala Leu Val Asn Val Lys Ser Ser Gln Phe Lys Leu Glu Thr Ala
 245 250 255
 Glu Lys Glu Asn Gln Ile Leu Gly Ile Thr Leu Arg Gln Arg Asp Ala
 260 265 270
 Glu Val Thr Arg Leu Arg Glu Leu Thr Arg Thr Leu Gln Thr Ser Met
 275 280 285
 Ala Lys Leu Leu Ser Asp Leu Ser Val Asp Ser Ala Arg Cys Lys Pro
 290 295 300
 Gly Asn Asn Leu Thr Lys Ser Leu Leu Asn Ile His Asp Lys Gln Leu
 305 310 315 320
 Gln His Asp Pro Ala Pro Ala His Thr Ser Ile Met Ser Tyr Leu Asn
 325 330 335
 Lys Leu Glu Thr Asn Tyr Ser Phe Thr His Ser Glu Pro Leu Ser Thr
 340 345 350
 Ile Lys Asn Glu Glu Thr Ile Glu Pro Asp Lys Thr Tyr Glu Asn Val
 355 360 365
 Leu Ser Ser Arg Gly Pro Gln Asn Ser Asn Thr Arg Gly Met Glu Glu
 370 375 380
 Ala Ser Ala Pro Gly Ile Ile Ser Ala Leu Ser Lys Gln Asp Ser Asp
 385 390 395 400
 Glu Gly Ser Glu Thr Met Ala Leu Ile Glu Asp Glu His Asn Leu Asp
 405 410 415
 Asn Thr Ile Tyr Ile Pro Phe Ala Arg Ser Thr Pro Glu Lys Lys Ser
 420 425 430
 Pro Leu Ser Lys Arg Leu Ser Pro Gln Pro Gln Ile Arg Ala Ala Thr
 435 440 445
 Thr Gln Leu Val Ser Asn Ser Gly Leu Ala Val Ser Gly Lys Glu Asn
 450 455 460
 Lys Leu Cys Thr Pro Val Ile Cys Ser Ser Ser Thr Lys Glu Ala Glu
 465 470 475 480
 Asp Ala Pro Glu Lys Leu Ser Arg Ala Ser Asp Met Lys Asp Thr Gln
 485 490 495
 Leu Leu Lys Lys Ile Lys Glu Ala Ile Gly Lys Ile Pro Ala Ala Thr
 500 505 510
 Lys Glu Pro Glu Glu Gln Thr Ala Cys His Gly Pro Ser Gly Cys Leu
 515 520 525
 Ser Asn Ser Leu Gln Val Lys Gly Asn Thr Val Cys Asp Gly Ser Val
 530 535 540
 Phe Thr Ser Asp Leu Met Ser Asp Trp Ser Ile Ser Ser Phe Ser Thr
 545 550 555 560
 Phe Thr Ser Arg Asp Glu Gln Asp Phe Arg Asn Gly Leu Ala Ala L u
 565 570 575

109/175

Asp Ala Asn Ile Ala Arg Leu Gln Lys Ser Leu Arg Thr Gly Leu Leu
 580 585 590

Glu Lys

<210> 95
 <211> 2534
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (84)..(1550)

<400> 95

```

ccttggccaa gaagttgcca ccaccacgg gcagccccc gggccactca ccaactgcct 60
ctcctcctcc tacggcccga aagatgttcc caggcctggc tgcaccctcc ttgcccaaga 120
agctgaagcc tgaacaaata cgggtggaga tcaagcggga gatgctgccg ggggcccttc 180
atggggaact gcacccatct gagggtcctt ggggggcacc acgggaagac atgacacccc 240
tgaacctgtc gtcccgggca gagccggtgc gogacatccg ctgtgagttc tgcggcgagt 300
tcttcgagaa ccgcaagggc ctgtcgagtc acgcgcgctc acacctggcg cagatgggtg 360
tgaccgagtg gtccgtcaat ggttcgcca tcgacacact gcgagagatc ctcaagaaga 420
agtccaagcc gtgcctcatc aagaaggagc caccggctgg agacctggcc cctggcctgg 480
ctgaggacgg gcctccacc gtggccctg ggcccgctga gtcccaactg ccgctgtcgc 540
ccctggctgg ccggccaggc aaaccaggtg caggggccgc ccaggttcct cgtgagctca 600
gcctgacgcc catcaactgg gccaagccct cagccactgg ctacctgggc tcagtggcag 660
ccaagcggcc cctgcaggag gacgcctcc tccagcaga ggtcaaggcc aagacctaca 720
tccagactga actgcccttc aaggcaaaga cccttcatga gaagacctcc cactcctcca 780
ccgaggcctg ctgcgagctg tgtggccttt actttgaaa ccgcaaggcc ctggccagcc 840
acgcacgggc acacctgcgg cagttcggcg tgaccgagtg gtgogtcaat ggctcggcca 900
tcgagacact gagcgagtgg atcaaacacc ggcccagaa ggtgggogcc taccgcagot 960
acatccaggg cggccgcccc ttaccaaga agttccgcag tgcggccat ggccgtgaca 1020
gtgacaagcg gccgtccctg gggctggcac ccgggggcct ggccgtggtc ggccgcagt 1080
ccggagggga gccagggcc gaggtggcc gggcagccga cgggtgtgag cggcctctgg 1140
cagccagccc gccaggcacc gtgaaggctg aggagcacca gcggcagaac atcaacaaat 1200
ttgaacgccc acaagccgc cctccagatg cctccgcagc ccggggaggc gaggacacca 1260
atgaacctaca gcagaagctg gaggaggtgc ggoaaccccc accccgagtc cggccagtcc 1320
cctccctggt gcccggccc cccagacat cacttgcata gttcgtgggc aacatctaca 1380
ccctcaaatg caggttctgt gaggtggaat tccagggcc cctctccatc caggaagagt 1440
gggtgcggca cttacagcg cacatcctgg agatgaactt ctccaaagcg gacccccac 1500
ctgaggagtc ccaggcccg caggcacaga cagcggcgcc agaggctccc taacacaaaa 1560
gcattccaga tcccctctg tgccacctct gtctctctt cttcctctct tgtgtctcg 1620
tccctcttcc tctttcttcc cgtttccaaa ggagaagcc aaaacctcaa accggcgccc 1680
cttggggggc gggcacacta cagccagggc gccgggagcc agctagctgc cttccccc 1740
gcccaggagc totggggcca cagggtgtct tcttcagcc catgccacc tggtcagca 1800
ggggcagcag ccaggctctt gatggcagc ggtctggtca caggggagga cagcactccc 1860
cgtctagca gccaggcagg gogatgtctg ccctccgtgg ccatttgcaa agaccccaaa 1920

```


110/175

```

gacccctggt ctggttccct ctctccccc tgaatatcct ctcacacaca tgtacatgcg 1980
aacacacaca acacgcacct cgtgagacc gggacctgcc ccggaccccc agttcctggg 2040
ttgaacgacc acatcatgcc acggtgcttg ctcaggggaa gccacgctcc ctctgtgggg 2100
cctgctgggg cctggggagcc cccactgag cccacaatgc caccgaaatc cttgttggct 2160
gcccccgaga ggggccttcc cagctgggaa gagctcagag ctgacagctg cctcctgcca 2220
tgtcaaggcc ccccaaagag cctcaggggc tctggggccc tggagggtgg ggttgggggg 2280
tgggactctc ctccccact cctgctccct ctcccttttc actgttgctt tctatgtata 2340
gtccctaga cctttcactt ttttaaaaac gogttttgtg tagagaataa ggaacgtgga 2400
tctttttatt ttgcaatcct gggccagcta gaagccagga gctgattgac cttttaactt 2460
ttttcagtgg ccacattttg gttatcgatg tacctagaag tatgtaaatt agattaaatt 2520
tctcttctgg aaac 2534

```

<210> 96

<211> 489

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 96

```

Met Phe Pro Gly Leu Ala Ala Pro Ser Leu Pro Lys Lys Leu Lys Pro
  1           5           10           15
Glu Gln Ile Arg Val Glu Ile Lys Arg Glu Met Leu Pro Gly Ala Leu
  20           25           30
His Gly Glu Leu His Pro Ser Glu Gly Pro Trp Gly Ala Pro Arg Glu
  35           40           45
Asp Met Thr Pro Leu Asn Leu Ser Ser Arg Ala Glu Pro Val Arg Asp
  50           55           60
Ile Arg Cys Glu Phe Cys Gly Glu Phe Phe Glu Asn Arg Lys Gly Leu
  65           70           75           80
Ser Ser His Ala Arg Ser His Leu Arg Gln Met Gly Val Thr Glu Trp
  85           90           95
Ser Val Asn Gly Ser Pro Ile Asp Thr Leu Arg Glu Ile Leu Lys Lys
 100           105           110
Lys Ser Lys Pro Cys Leu Ile Lys Lys Glu Pro Pro Ala Gly Asp Leu
 115           120           125
Ala Pro Ala Leu Ala Glu Asp Gly Pro Pro Thr Val Ala Pro Gly Pro
 130           135           140
Val Gln Ser Pro Leu Pro Leu Ser Pro Leu Ala Gly Arg Pro Gly Lys
 145           150           155           160
Pro Gly Ala Gly Pro Ala Gln Val Pro Arg Glu Leu Ser Leu Thr Pro
 165           170           175
Ile Thr Gly Ala Lys Pro Ser Ala Thr Gly Tyr Leu Gly Ser Val Ala
 180           185           190
Ala Lys Arg Pro Leu Gln Glu Asp Arg Leu Leu Pro Ala Glu Val Lys
 195           200           205
Ala Lys Thr Tyr Ile Gln Thr Glu Leu Pro Phe Lys Ala Lys Thr Leu
 210           215           220
His Glu Lys Thr Ser His Ser Ser Thr Glu Ala Cys Cys Glu Leu Cys

```

111/175

225 230 235 240
 Gly Leu Tyr Phe Glu Asn Arg Lys Ala Leu Ala Ser His Ala Arg Ala
 245 250 255
 His Leu Arg Gln Phe Gly Val Thr Glu Trp Cys Val Asn Gly Ser Pro
 260 265 270
 Ile Glu Thr Leu Ser Glu Trp Ile Lys His Arg Pro Gln Lys Val Gly
 275 280 285
 Ala Tyr Arg Ser Tyr Ile Gln Gly Gly Arg Pro Phe Thr Lys Lys Phe
 290 295 300
 Arg Ser Ala Gly His Gly Arg Asp Ser Asp Lys Arg Pro Ser Leu Gly
 305 310 315 320
 Leu Ala Pro Gly Gly Leu Ala Val Val Gly Arg Ser Ala Gly Gly Glu
 325 330 335
 Pro Gly Pro Glu Ala Gly Arg Ala Ala Asp Gly Gly Glu Arg Pro Leu
 340 345 350
 Ala Ala Ser Pro Pro Gly Thr Val Lys Ala Glu Glu His Gln Arg Gln
 355 360 365
 Asn Ile Asn Lys Phe Glu Arg Arg Gln Ala Arg Pro Pro Asp Ala Ser
 370 375 380
 Ala Ala Arg Gly Gly Glu Asp Thr Asn Asp Leu Gln Gln Lys Leu Glu
 385 390 395 400
 Glu Val Arg Gln Pro Pro Pro Arg Val Arg Pro Val Pro Ser Leu Val
 405 410 415
 Pro Arg Pro Pro Gln Thr Ser Leu Val Lys Phe Val Gly Asn Ile Tyr
 420 425 430
 Thr Leu Lys Cys Arg Phe Cys Glu Val Glu Phe Gln Gly Pro Leu Ser
 435 440 445
 Ile Gln Glu Glu Trp Val Arg His Leu Gln Arg His Ile Leu Glu Met
 450 455 460
 Asn Phe Ser Lys Ala Asp Pro Pro Pro Glu Glu Ser Gln Ala Pro Gln
 465 470 475 480
 Ala Gln Thr Ala Ala Ala Glu Ala Pro
 485

<210> 97

<211> 3741

<212> DNA

<213> Homo. sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110).. (892)

<400> 97

attgaagatt aaacgttctc tcttcaacta ccatgacacg aggatccatg cctgcctcta 60
 ctttattgcc cctactggac attcactaaa gtccctggat ctggtcacca tgaaaaagct 120
 ggacagtaag gtgaacatca ttccaataat tgcaaaagct gacaccattg ccaagaatga 180

```

aotgcacaaa ttcaagagta agatcatgag tgaactgggc agcaatgggg tccagatata 240
tcagtttccc actgatgaag aaacgggtggc agagattaac gcaacaatga gtgtccatct 300
ccattttgca gtggttggca gcaccgaaga ggtgaagatt ggcaacaaga tggcaaaggc 360
caggcagtac ccctgggggtg tgggtcaggt tgagaatgaa aatcattgag attttgtgaa 420
acttcgagag atgctgatcc gcgtgaacat ggaggacttg cgagagcaga ctacaccccg 480
ccactatgaa ttgtaccgac gotgtaagot tgaagagatg gggttcaagg acactgaccc 540
tgacagcaaa cccittcagtc ttccaggagac atatgaagca aaaaggaatg aattcctggg 600
agaactgcag aagaaaagaag aagaaatgag acaaatgttt gttatgagag tgaaggagaa 660
agaagotgaa cttaaggagg cagagaaaga gcttcacgag aagtttgacc ttctaaagcg 720
gacacaccaa gaagaaaaga agaaagtggc agacaagaag aaggagcttg aggaggagg 780
gaacaacttc cagaagaaga aagcagcggc tcagttacta cagtccagg cccagcaatc 840
tggtggcccag caaaccaaga aagacaaggc taagaaaaat gcaagcttca cataaagcct 900
ggcaagccaa gtagtttccc gcattcacct gctttgcag taatatcgta tctctgccat 960
gtgtgttctt tagttttatt ttattttatt ttattttttt acccttctc aaacaccagt 1020
aactattatt aactcgtttt gctgaatgtt gttgggtggt agaaaatgat agaacaaggg 1080
aataaccgag aatgctctgt gcagctggac tctgtttccg gaaagtaaat gatttgcttt 1140
ttatgcctgt tctgaatggc agcacgaagc aggcctgtta cttgtatgtc gctttggaca 1200
gaggaaagtg ggtataaatg ctacctgac gtctgacatg aaaacttctc accgcctcag 1260
cagctgaact aaaaacctga atagccatga caagagtttg cattttcttg atgattcatc 1320
tccatgagtg cacaatccot gaactcacgt tctttctcc acacttgtcc taagccaagg 1380
tagatttgta cgtagacaga ctggtagcga agcattatat ttatttttta ccttgcatg 1440
acattttcat tttaatcaat aacattattt ggctgggct tgtgggtctg ttcagactgt 1500
ctcctctcat gttttgaaac tgcattgaa tgcctgcct caatcctggc caagttggag 1560
tagactggta tgagaaaaot atgattagtt cacatttact ggtgcatcct tgatcctctc 1620
acagatagag gtcttaaaag ttggatcatg taacattgct tagtagaaga atctttctct 1680
aaggatgatg ggctttctac agcctgctta ccactaacag taaggaatct ttcataaaca 1740
cacctcagtt tgttcccagt gggcttagag ggaggacctg atgactgatt ccaggatact 1800
tgtacttcta ataacatttt tcatgaatca tgagaaaaat tccacagata ctcccttag 1860
aaaatttgct ataaactctg tatcattggt agcacaaatt tgagcgaggc cttgtcaatt 1920
ttaagtgga aataggaagg accacaacat gaccgtaag tcaagaagg agacatttca 1980
tatccagctt ccttgottag tctcctttca gtatttgga ataaaagaaa gaagaaatag 2040
aacagctgaa gtctcaaatc attgtctgga attttctca ccttggttag ctccacotgc 2100
tctttgtcta aggcccttgc ctcatcaggg attagaactg gcccatatgc cagaacctgt 2160
actaaatgcc taatttgtat ggaagagtgc atatttaatc tcttttctat actgctcctt 2220
tctgatgctt atcctttcat ctgtgtgatt gtttttccc ototactaac aagatcctcc 2280
cagctttctc tctacatgta gaaaggataa catttctcat gaaccactg cccctctgca 2340
ttttctcac tggttagaga ttaagtaaat aggatagaat atgctgcgtc tcccctgaca 2400
cacactttct ttttgaatg agoaagtctc cattttgatt tcagcaaga tttttctcc 2460
ttttctttgt cctcaaccat acttagagga aagaaggaat ggtcttccat gaactgatta 2520
tgcttaatta agcaaagtaa ggaaattagt tcatggaag cctaaacaaa gctggaatag 2580
aaactacaca ctagacacag cagtagtcat agtttcaca ggtttaggag ctactggacc 2640
aacattcttg tttttgctt tgtttttta aataattcta gtctggagct aactgtggag 2700
cagccaaata gtagctggca tgttgattca aacatgggc tgaatttgct cataggotgt 2760
gcatcagaca aaagcttgaa tatttgtgt gtatgctgt tccaaccacc gcttgtgtga 2820
gcatttttgt ggttgtaca gaaagtacac ttttaaattg tctcttgcat cactaaaatt 2880
tttttaaaat gagcataaca acgaaaggca tccagctgac tttttgattc caagattatt 2940
gattggattg acttttttgc attaaatttt tccagcaaa ataaatcata tggcgagtca 3000
gggaataaaa agtcaaaaaga aacaaataga agottttttt tttaaaaaat gtattgtctc 3060

```

113/175

```

tgaacttttt tctgccactg ctccctagcc ctgtttagtt tgttatigct gcttttcttt 3120
tttctttctg tatctatgcc tttttttcac agtagtcctt ggctctgcac ggaataaatg 3180
ataccctcaa atctaattgg atgtgctttc gcctttgcat gtaagtacgg tagtaagaaa 3240
cctttgagat ctttctgact tttoaaaatt agagaaagca aatgggatgg acagattttt 3300
tttttctttt caaggggggc aggaaggtaa tggtttgagt agcctttggt taaaaaaaaa 3360
actaaatata tttaaaaggc cacatttata tttttttcac aagaaccaca taataaatc 3420
cacttcttga cctgaatttg gaaatccgaa attactaatc caggccaggt gtggtggctc 3480
atgcctgtaa tcccagcact ttgagaggcc gaggtgggca gatcacttga gccctggagt 3540
tcaagaccac cttggcgaac acggtgaaac cccgtctcta caaaaaatac aaaaatttagc 3600
caggcgtggt ggcaogtgc ttagtcccca gctacttggg aggctaagtc aggagaattg 3660
cttgaacttg ggagatggag gttgcagtga gccaaagattg caccactgca ttccaacctg 3720
ggtgatgaag tgagactctc c

```

<210> 98

<211> 261

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 98

```

Met Lys Lys Leu Asp Ser Lys Val Asn Ile Ile Pro Ile Ile Ala Lys
  1           5           10           15
Ala Asp Thr Ile Ala Lys Asn Glu Leu His Lys Phe Lys Ser Lys Ile
      20           25           30
Met Ser Glu Leu Val Ser Asn Gly Val Gln Ile Tyr Gln Phe Pro Thr
      35           40           45
Asp Glu Glu Thr Val Ala Glu Ile Asn Ala Thr Met Ser Val His Leu
      50           55           60
Pro Phe Ala Val Val Gly Ser Thr Glu Glu Val Lys Ile Gly Asn Lys
      65           70           75           80
Met Ala Lys Ala Arg Gln Tyr Pro Trp Gly Val Val Gln Val Glu Asn
      85           90           95
Glu Asn His Cys Asp Phe Val Lys Leu Arg Glu Met Leu Ile Arg Val
      100          105          110
Asn Met Glu Asp Leu Arg Glu Gln Thr His Thr Arg His Tyr Glu Leu
      115          120          125
Tyr Arg Arg Cys Lys Leu Glu Glu Met Gly Phe Lys Asp Thr Asp Pro
      130          135          140
Asp Ser Lys Pro Phe Ser Leu Gln Glu Thr Tyr Glu Ala Lys Arg Asn
      145          150          155          160
Glu Phe Leu Gly Glu Leu Gln Lys Lys Glu Glu Glu Met Arg Gln Met
      165          170          175
Phe Val Met Arg Val Lys Glu Lys Glu Ala Glu Leu Lys Glu Ala Glu
      180          185          190
Lys Glu Leu His Glu Lys Phe Asp Leu Leu Lys Arg Thr His Gln Glu
      195          200          205
Glu Lys Lys Lys Val Glu Asp Lys Lys Lys Glu Leu Glu Glu Glu Val
      210          215          220

```

114/175

Asn Asn Phe Gln Lys Lys Lys Ala Ala Ala Gln Leu Leu Gln Ser Gln
 225 230 235 240
 Ala Gln Gln Ser Gly Ala Gln Gln Thr Lys Lys Asp Lys Asp Lys Lys
 245 250 255
 Asn Ala Ser Phe Thr
 260

<210> 99

<211> 3389

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (78).. (1466)

<400> 99

```

agcgggcggtg cggagcgggc gacagtggcg tgggatctgc ctctctgoga gcagctggga 60
gcggcgggcgg cggcgccatg agcgggggca ccccttacat cggcagcaag atcagcctca 120
totccaaggc ggagatccgc tacgagggca tcctctacac catcgacacc gaaaactcca 180
ccgtagccct tgccaaagt ogatcctttg gtacagaaga cagaccgaca gatcgtccaa 240
taccacctcg agatgaagtc ttigaataca ttatattcgg tgggagtgc attaaagacc 300
ttactgtttg tgagccacca aaaccacagt gttctttgcc tcaagacca gctattgttc 360
agtctcact aggtcctatg acttcttcat tccagtccat gggttcttat ggaccttcg 420
gcaggatgcc cacatacagt cagttcagtc ogagttcctt agttgggcag cagtttggtg 480
ctgttggtgt tgcgtgaagc tctttgacat cctttggaac agaaacatca aacagtggta 540
ccttaccoca aagtagtgcg gttggttctg cctttacaca ggatacaaga tctotaaaaa 600
cacagttatc tcaaggtcgc tcaagcccto agttagacc tttgagaaaa agcccaacca 660
tggaacaagc agtcagacc gcctcagccc acttacctgc tccagcagct gttgggagaa 720
ggagtctctg atcaaccagg cctttgccat ctgccagcca aaaggcagga gagaatcagg 780
agcacaggca agctgaagta cacaaagtt caaggccaga aaatgagcaa ctcagaaatg 840
ataacaagag acaagtagct ccagggtgct cttcagotcc aaggagagg cgtgggggtc 900
atcggggttg caggggaaga ttigtatto ggcgagatgg gccaatgaaa tttgagaaag 960
actttgactt tgaagtgca aatgcacaat tcaacaagga agagattgac agagagtttc 1020
ataataaact taaattaaaa gaagataaac ttgagaaaca ggagaagcct gtaaattggtg 1080
aagataaagg agactcagga gttgataccc aaaacagtga aggaatgcc gatgaagaag 1140
atccacttgg acctaatgc tattatgaca aaactaaatc cttctttgat aatatttctt 1200
gtgatgacaa tagagaacgg agaccaacct gggctgaaga aagaagatta aatgctgaaa 1260
catttggaat ccacttcgt ccaaacogtg gccgtggggg atacagaggc agaggaggtc 1320
ttggtttcgg tggtggcaga gggcgtggtg gtggcagagg tggtaacctc actgccccto 1380
gaggatttcg cggtggtatc agaggaggtc gtgggggccc ggagtttgcg gatittgaa 1440
ataggaaaga caacaaagt gctgcatagt ctacaaacaa gtctctgaaa atagggtgaat 1500
ttotagctct tcatggtcct gaacattgat ttcagtcttt gcaaagaatg aagaagtga 1560
ttcgtgtac attgtcacc agcactgggt tttgttttt tgtttgttt tccgcttaat 1620
ttcaaagata aaatgcagtt acttttggg gtggaaggct catottaaaa catgagcatt 1680
aaatatattt ggaatagcag aaggttaagt aatttcttat gtatagttaa actaaagcag 1740
tacttcagtg ggaacttaaca agtatttttt catcaotgaa aggttttttt tttttatca 1800

```

115/175

```

ctaaattgta tttggcaatt gcaagttgcc tgcagatagg gccgtgatac tgtgttttga 1860
gccacagaag gttgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtatgtg 1920
tgtgtotttt tctctcttct ttttggggaa tctgttaata tgaggtagct tatttcgtca 1980
attaattagg gtgctggatg gtagagaatt ttgtcagtc aatgtgtaca cacagtaaat 2040
actgtttctt aggcaaaggt aactttttta tatagttgta aaattccatt atattccatt 2100
gcaaagaaaa cattaagaac ttgtatagc tgtataaaaa gcaactaatt ttttaaagaa 2160
taaacatttt aaagtcagca aacatactgt gtccttgcag aagttgatgt gctgagcagc 2220
agccttatgg gtgggtcttt tttctttagt ttccaggct taacattttt gattttgttt 2280
tttaattgtt ggaacataaa tgaagatttg atacattatt tcattatcta aaaaggatta 2340
attattcatg ctcattgtaa gaacttcatt ttgtagcaaa tggcatatca caggatctgt 2400
ccagataatc gatattttca gtatacaaat gtaaataatc acagatgaga atgtacttag 2460
ctgtatcttc aaataagtaa tcttccccc tttgttagga ctttaaaact aggcatacat 2520
gaacctgttt ttcttattat gcctggaatt tagtcatgat accttgactc attccatcat 2580
atttcaagag gattcagagt gctagaaatt attttggtag cctgtaacac acggcaacac 2640
tggtccttgg gcctatgatg acccagatg gactcagtat agagttcatt gctaattata 2700
aattactagt gaatcttttt gatattttta gctctagtgg gaaaaatctg gccacttttg 2760
tgtttttatg aaggccatgg aataaaaggg tccaaagatt taaatatttt tatctaata 2820
tttgattgtt ttcttaactt tctcttaaaa acattcagta gtgataaaga tatagaaact 2880
gcactgtagg agaattggaa tatttaaggc tggttgacat tttttatttt cattttatat 2940
cttttgtata gctctacaag gcagtgtttt gtaatttggg ttcatatga agatccagta 3000
cttggcagcc atagtttaga caatattgtt cagtgtgtt tgcttgcag ttaacaacaa 3060
aaccttttag aggaccaca aatcatgata ttgaacacag ttccgaggca ttcagagcat 3120
cagagcaagt accatggcaa tacatgtgta gactgttggg gatgtccgg gccaatttca 3180
agaaagaaaa ctgtaaatac tagtctact tgcctgaaa ttatgagttt atgcgttttc 3240
ccagccctcc gaatcaactg ctggggcggt ttgtgcccc goaataactg gcagcatggc 3300
atacctgcag taccctttac aatattaaag caaagttttt attctaaaac agaataaaac 3360
tgttcaataa aaaatgctcg tcaaagttc 3389

```

<210> 100

<211> 463

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 100

```

Met Ser Gly Gly Thr Pro Tyr Ile Gly Ser Lys Ile Ser Leu Ile Ser
 1           5           10           15
Lys Ala Glu Ile Arg Tyr Glu Gly Ile Leu Tyr Thr Ile Asp Thr Glu
 20           25           30
Asn Ser Thr Val Ala Leu Ala Lys Val Arg Ser Phe Gly Thr Glu Asp
 35           40           45
Arg Pro Thr Asp Arg Pro Ile Pro Pro Arg Asp Glu Val Phe Glu Tyr
 50           55           60
Ile Ile Phe Arg Gly Ser Asp Ile Lys Asp Leu Thr Val Cys Glu Pro
 65           70           75           80
Pro Lys Pro Gln Cys Ser Leu Pro Gln Asp Pro Ala Ile Val Gln Ser
 85           90           95
Ser Leu Gly Ser Ser Thr Ser Ser Phe Gln Ser Met Gly Ser Tyr Gly

```

116/175

Pro	Phe	Gly	Arg	Met	Pro	Thr	Tyr	Ser	Gln	Phe	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu
		115					120					125			
Val	Gly	Gln	Gln	Phe	Gly	Ala	Val	Gly	Val	Ala	Gly	Ser	Ser	Leu	Thr
	130					135					140				
Ser	Phe	Gly	Thr	Glu	Thr	Ser	Asn	Ser	Gly	Thr	Leu	Pro	Gln	Ser	Ser
145				150					155					160	
Ala	Val	Gly	Ser	Ala	Phe	Thr	Gln	Asp	Thr	Arg	Ser	Leu	Lys	Thr	Gln
			165					170						175	
Leu	Ser	Gln	Gly	Arg	Ser	Ser	Pro	Gln	Leu	Asp	Pro	Leu	Arg	Lys	Ser
		180						185					190		
Pro	Thr	Met	Glu	Gln	Ala	Val	Gln	Thr	Ala	Ser	Ala	His	Leu	Pro	Ala
	195						200					205			
Pro	Ala	Ala	Val	Gly	Arg	Arg	Ser	Pro	Val	Ser	Thr	Arg	Pro	Leu	Pro
	210					215					220				
Ser	Ala	Ser	Gln	Lys	Ala	Gly	Glu	Asn	Gln	Glu	His	Arg	Gln	Ala	Glu
225				230						235				240	
Val	His	Lys	Val	Ser	Arg	Pro	Glu	Asn	Glu	Gln	Leu	Arg	Asn	Asp	Asn
			245					250					255		
Lys	Arg	Gln	Val	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Ser	Ala	Pro	Arg	Arg	Gly	Arg
		260					265					270			
Gly	Gly	His	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Arg	Phe	Gly	Ile	Arg	Arg	Asp	Gly
	275					280					285				
Pro	Met	Lys	Phe	Glu	Lys	Asp	Phe	Asp	Phe	Glu	Ser	Ala	Asn	Ala	Gln
	290					295					300				
Phe	Asn	Lys	Glu	Glu	Ile	Asp	Arg	Glu	Phe	His	Asn	Lys	Leu	Lys	Leu
305					310					315				320	
Lys	Glu	Asp	Lys	Leu	Glu	Lys	Gln	Glu	Lys	Pro	Val	Asn	Gly	Glu	Asp
			325						330				335		
Lys	Gly	Asp	Ser	Gly	Val	Asp	Thr	Gln	Asn	Ser	Glu	Gly	Asn	Ala	Asp
		340					345					350			
Glu	Glu	Asp	Pro	Leu	Gly	Pro	Asn	Cys	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Thr	Lys	Ser
	355					360					365				
Phe	Phe	Asp	Asn	Ile	Ser	Cys	Asp	Asp	Asn	Arg	Glu	Arg	Arg	Pro	Thr
	370					375					380				
Trp	Ala	Glu	Glu	Arg	Arg	Leu	Asn	Ala	Glu	Thr	Phe	Gly	Ile	Pro	Leu
385					390					395				400	
Arg	Pro	Asn	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Tyr	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Leu	Gly
			405					410					415		
Phe	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Gly	Thr	Phe	Thr	
		420				425						430			
Ala	Pro	Arg	Gly	Phe	Arg	Gly	Gly	Phe	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Gly	Arg
	435					440					445				
Glu	Phe	Ala	Asp	Phe	Glu	Tyr	Arg	Lys	Asp	Asn	Lys	Val	Ala	Ala	
	450					455					460				

<210> 101

117/175

<211> 2284
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (128).. (1936)

<400> 101

```
tgcaagggtg tacaactatg agcctttgac acagctcaag aatgtcagag caaattacta 60
tggaaaatac attgctotaa gagggacagt ggttcgtgto agtaatataa agcctctttg 120
caccaagatg gcttttcttt gtgctgcatg tggagaaatt cagagctttc ctcttccaga 180
tggaaaatac agtcttccca caaagtgtcc tgtgcctgtg tgtcgaggca ggtcatttac 240
tgctctccgc agctctctct tcacagttae gatggactgg cagtcaatca aaatccagga 300
attgatgtct gatgatoaga gagaagcagg toggattcca ogaacaatag aatgtgagct 360
tgttcatgat cttgtggata gctgtgtccc gggagacaca gtgactatta ctggaattgt 420
caaagtctca aatgcggaag aaggttctcg aaataagaat gacaagtgtg tgttcctttt 480
gtatattgaa gcaaattcta ttagtaatag caaaggacag aaaacaaaga gttctgagga 540
tgggtgtaag catggaatgt tgatggagtt ctcaattaaa gacctttatg ccatccaaga 600
gattcaagct gaagaaaacc tgtttaaact cattgtcaac togttttgcc ctgtcatttt 660
tggtocagaa cttgttaaag cagttttggc attagcactc tttggaggaa gccagaaata 720
cgcagatgac aaaaacagaa ttccaattcg gggagacccc cacatccttg ttgttgagga 780
tccaggccta ggaaaaagtc aaatgctaca ggcagcgtgc aatgttgccc cagctggcgt 840
gtatgtttgt gtaaacacca cgaccacctc tggctgtgac gtaactcttt caaaagatag 900
ttcctctgga gattttgctt tggaaagtgg tgccttggtg cttggtgatc aaggtatttg 960
tggaatcgat gaatttgata agatggggaa tcaacatcaa gccttggttg aagccattga 1020
gcagcaaaat attagtcttg ctaaggctgg tgtggtttgt agccttcctg caagaacttc 1080
cattattgct gctgcaaatc cagtggaggg acattacaat aaagccaaaa cagtttctga 1140
gaatttaaaa atggggagtg cactactatc cagatttgat ttggtcttta tctgtttaga 1200
tactocaaat gagcatcatg atcacttact ctctgaacat gtgattgcaa taagagctgg 1260
aaagcagaga accattagca gtgccacagt agctcgtatg aatagtcaag attcaaatac 1320
ttcctgactt gaagtagttt ctgagaagcc attatcagaa agactaaagg tggttcctgg 1380
agaaacaata gatcccatc cccaccagct attgagaaag tacattggct atgtctggca 1440
gtatgtgtac ccaaggctat ccacagaagc tgcctgagtt ctccaagatt ttaccttga 1500
gctocggaaa cagagccaga ggttaaatac ctcaccaatc actaccaggc agctggaatc 1560
tttgattcgt ctgacagagg cagagcaag gttggaattg agagaggaag caaccaaga 1620
agacgctgag gatatagtgg aaattatgaa atatagcatg ctaggaactt actctgatga 1680
atttgggaac ctgatttttg agcgtatcca gcatggttct ggaatgagca acaggtcaac 1740
agcgaagaaga tttatttctg ctctcaacaa cgttgctgaa agaacttata ataatatatt 1800
tcaatttcat caacttcggc agattgccaa agaactaaac attcaggttg ctgattttga 1860
aaattttatt ggatcactaa atgaccaggg ttacctcttg aaaaaaggcc caaaagtita 1920
ccagcttcaa actatgtaaa aggacttcac caagttaggg cctcctgggt ttattgcaga 1980
ttaagccat ctcagtgaag atatgcgtgc acgcacagac agacagacac acacacacac 2040
acacacacac acacacacac acacacacac acagtcaaat actgttctct gaaaaatgat 2100
gtcccaaaaag tattataata ggaaaaaagc attaaatata ataaactaat ttaagaagtg 2160
ataaagtctc cagatgcagt agctcacact gtaatcacag tgactcagga ggctgaggtg 2220
agaggattcc ttgaggccag ggttcgagac caaccttggg caacatagca agacccatt 2280
tctt
```


118/175

<210> 102
 <211> 603
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 102

```

Met Ala Phe Leu Cys Ala Ala Cys Gly Glu Ile Gln Ser Phe Pro Leu
 1           5           10           15
Pro Asp Gly Lys Tyr Ser Leu Pro Thr Lys Cys Pro Val Pro Val Cys
      20           25           30
Arg Gly Arg Ser Phe Thr Ala Leu Arg Ser Ser Pro Leu Thr Val Thr
      35           40           45
Met Asp Trp Gln Ser Ile Lys Ile Gln Glu Leu Met Ser Asp Asp Gln
      50           55           60
Arg Glu Ala Gly Arg Ile Pro Arg Thr Ile Glu Cys Glu Leu Val His
      65           70           75           80
Asp Leu Val Asp Ser Cys Val Pro Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Gly
      85           90           95
Ile Val Lys Val Ser Asn Ala Glu Glu Gly Ser Arg Asn Lys Asn Asp
      100          105          110
Lys Cys Met Phe Leu Leu Tyr Ile Glu Ala Asn Ser Ile Ser Asn Ser
      115          120          125
Lys Gly Gln Lys Thr Lys Ser Ser Glu Asp Gly Cys Lys His Gly Met
      130          135          140
Leu Met Glu Phe Ser Leu Lys Asp Leu Tyr Ala Ile Gln Glu Ile Gln
      145          150          155          160
Ala Glu Glu Asn Leu Phe Lys Leu Ile Val Asn Ser Leu Cys Pro Val
      165          170          175
Ile Phe Gly His Glu Leu Val Lys Ala Gly Leu Ala Leu Ala Leu Phe
      180          185          190
Gly Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Asp Asp Lys Asn Arg Ile Pro Ile Arg
      195          200          205
Gly Asp Pro His Ile Leu Val Val Gly Asp Pro Gly Leu Gly Lys Ser
      210          215          220
Gln Met Leu Gln Ala Ala Cys Asn Val Ala Pro Arg Gly Val Tyr Val
      225          230          235          240
Cys Gly Asn Thr Thr Thr Ser Gly Leu Thr Val Thr Leu Ser Lys
      245          250          255
Asp Ser Ser Ser Gly Asp Phe Ala Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Leu
      260          265          270
Gly Asp Gln Gly Ile Cys Gly Ile Asp Glu Phe Asp Lys Met Gly Asn
      275          280          285
Gln His Gln Ala Leu Leu Glu Ala Met Glu Gln Gln Ser Ile Ser Leu
      290          295          300
Ala Lys Ala Gly Val Val Cys Ser Leu Pr Ala Arg Thr Ser Ile Ile
      305          310          315          320

```

119/175

Ala	Ala	Ala	Asn	Pro	Val	Gly	Gly	His	Tyr	Asn	Lys	Ala	Lys	Thr	Val
				325						330					335
Ser	Glu	Asn	Leu	Lys	Met	Gly	Ser	Ala	Leu	Leu	Ser	Arg	Phe	Asp	Leu
			340					345						350	
Val	Phe	Ile	Leu	Leu	Asp	Thr	Pro	Asn	Glu	His	His	Asp	His	Leu	Leu
			355					360						365	
Ser	Glu	His	Val	Ile	Ala	Ile	Arg	Ala	Gly	Lys	Gln	Arg	Thr	Ile	Ser
			370				375					380			
Ser	Ala	Thr	Val	Ala	Arg	Met	Asn	Ser	Gln	Asp	Ser	Asn	Thr	Ser	Val
385						390				395					400
Leu	Glu	Val	Val	Ser	Glu	Lys	Pro	Leu	Ser	Glu	Arg	Leu	Lys	Val	Val
				405					410						415
Pro	Gly	Glu	Thr	Ile	Asp	Pro	Ile	Pro	His	Gln	Leu	Leu	Arg	Lys	Tyr
			420					425						430	
Ile	Gly	Tyr	Ala	Arg	Gln	Tyr	Val	Tyr	Pro	Arg	Leu	Ser	Thr	Glu	Ala
			435					440						445	
Ala	Arg	Val	Leu	Gln	Asp	Phe	Tyr	Leu	Glu	Leu	Arg	Lys	Gln	Ser	Gln
			450				455					460			
Arg	Leu	Asn	Ser	Ser	Pro	Ile	Thr	Thr	Arg	Gln	Leu	Glu	Ser	Leu	Ile
465						470				475					480
Arg	Leu	Thr	Glu	Ala	Arg	Ala	Arg	Leu	Glu	Leu	Arg	Glu	Glu	Ala	Thr
				485					490					495	
Lys	Glu	Asp	Ala	Glu	Asp	Ile	Val	Glu	Ile	Met	Lys	Tyr	Ser	Met	Leu
			500					505						510	
Gly	Thr	Tyr	Ser	Asp	Glu	Phe	Gly	Asn	Leu	Asp	Phe	Glu	Arg	Ser	Gln
			515					520						525	
His	Gly	Ser	Gly	Met	Ser	Asn	Arg	Ser	Thr	Ala	Lys	Arg	Phe	Ile	Ser
			530				535						540		
Ala	Leu	Asn	Asn	Val	Ala	Glu	Arg	Thr	Tyr	Asn	Asn	Ile	Phe	Gln	Phe
545						550					555				560
His	Gln	Leu	Arg	Gln	Ile	Ala	Lys	Glu	Leu	Asn	Ile	Gln	Val	Ala	Asp
				565					570						575
Phe	Glu	Asn	Phe	Ile	Gly	Ser	Leu	Asn	Asp	Gln	Gly	Tyr	Leu	Leu	Lys
			580					585						590	
Lys	Gly	Pro	Lys	Val	Tyr	Gln	Leu	Gln	Thr	Met					
			595					600							

<210> 103

<211> 3408

<212> DNA

<213> Homo sapiens

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (725) .. (1513)

<400> 103

120/175

gattcacgta gaccttgtca ggaaattggt cactatccat ctaggcoccta gaagtgagag 60
 gaggaatctt acgaactcat tttctagttg ctttgtattc aaatcttagt tgtaattat 120
 cttgttctag taatcaccta aaatattaga cacttaaaat gttggggaaa cgtaaagcgtg 180
 tgggtgtgac aattaataga ctggcccccot gaatotccag acaaccaata tcaacttaaat 240
 aagtgatagt ctttaatacta gtttttagac tagtcatggg agaacagatg attgatgtct 300
 tagggccgga gaaacgcaga cggcgtacca cacaggaaaa gatcgcaatt gttcagcaga 360
 gotttgaacc ggggatgacg gtctccctcg ttgcccggca acatgggtgta gcagccagcc 420
 agttatttct ctggcgtaag caataccagg aaggaaagtct tactgctgtc gccgcggag 480
 aacaggttgt tcctgcctct gaacttgctg ccgcctatgaa gcagattaaa gaactccagc 540
 gcctgctcgg caagaaaaag atggaaaatg aactcctcaa agaagccgtt gaatatggac 600
 gggcaaaaaa gtggatagcg cagcgcocct tattgcccgg ggatggggag taagcttagt 660
 cagccgttgt ctccgggtgt cgcgtgcgca gttgcaogtc attotoagac gaacogatga 720
 ctggatggat ggccgcgcga gtctgcacac tgatgatacg gatgtgcttc tccgtataca 780
 ccatgttato ggagagctgc caacgtatgg ttatcgtcgg gtatgggcgc tgcttcgcag 840
 acaggcagaa cttgatggta tgcctgcgat caatgcaaaa cgtgtttacc ggatcatgcg 900
 ccagaatgcg ctgttgcttg agcgaanaac tgctgtaccg ccatcgaaac gggcacatac 960
 aggcagagtg gccgtgaaag aaagcaatca gcgatgggtc tctgacgggt tcgagttctg 1020
 ctgtgataac ggagagagac tgcgtgtcac gttogcgtg gactgctgtg atcgtgaggo 1080
 actgcactgg gcggtcacta ccggcgggtt caacagtga acagtacagg acgtcatgct 1140
 gggagcgggt gaacgccgt tcggcaacga tcttcogtcg tctccagtgg agtggctgac 1200
 ggataatggt tcatgtacc gggotaatga aacacgccag ttgcgccgga tgttgggact 1260
 tgaaccgaag aacacggcgg tgccggagtcc ggagagtaac ggaatagcag agagcttctg 1320
 gaaaacgata aagcgtgact acatcagtat catgcccana ccagacgggt taacggcagc 1380
 aaagaacctt gcagagggt tcgagcatta taacgaatgg catccgcata gtgcgtggg 1440
 ttatcgtcog ccacgggaat atctgoggca gcgggottgt aatgggttaa gtgataacag 1500
 atgtctggaa atataggggc aaatccaatt aaggacaagc ttgacattat taagaaactt 1560
 gaggaaggca tctctttcaa aaaactttcc gtggtgtacg gaattggtga atccacagtt 1620
 cgtgatatta aaaagaacaa agaaaggatt ataaactatg caaacagttc agatcctacc 1680
 agtggagtat ccaaocgtaa atotatgaag tcatcaaat aogaggagct tgatagagtt 1740
 atgatagagt ggtttaacca acagaaaaca gatgggattc cagtgtccgg aacgatttgt 1800
 gcaatacaag ccaagtctt ttttgatgct ttgggaatgg aagggtgatt taatgcacog 1860
 tcaggctggc taactcgatt taagcagcgc catgggtattc caaaggctgc tggtaaagga 1920
 acaaaattaa aaggagatga aactgctgcc agagaatttt gtggtagctt tcaggaattt 1980
 gttgaaaaag agaacttaca accagagcaa atttatggtg ctgatcaaac tggattgttt 2040
 tggaaatgto taccatcaag gacattaact cttgaaactg accaaagtac ttctgggtgt 2100
 aggtcaagca gagagagaat catoattatg tgttgcgoaa atgccacagg tttacacaaa 2160
 cttaatcttt gtgttggtgg gaaggccaaa aagccccggg cattcaaagg caotgacctt 2220
 tcaaacottc ctgtgacata ttacagtcaa aaagggtgcat ggatagaaca gtctgttttc 2280
 agacagtggg ttgagaagta ctttgtgcca caggtagaga agcatttgaa atccaaggga 2340
 cttttagaaa aagcagtgtc tottttagat ttcccccag cactccaaa tgaagaaatg 2400
 ttgagttcag atgatggcag aataattgtg aagtatttgc caccaaatgt cacaagtctg 2460
 attcaaccaa tgagccaggg agttotagcc actgtaaaaa gatactatcg agcaggactt 2520
 ctccagaaat acatggatga aggaatgac ccaaaaatat tttggaagaa cttgacagt 2580
 ttggatgcaa tttatgaagt gtcaagagct tggaaacatg taaaatcaag taccataacc 2640
 aaagcatgga aaaaactttt ccctggcaat gaagagaatt caggtatgaa cattgatgaa 2700
 ggagccattt tagcagctaa tttagcaaca gttttacaga acacagaaga atgtgaacat 2760
 gttgacattg agaattatga tcagtgggtc gactctcgga gcagtgactc aagctgtcag 2820
 gtgctgactg acagtgaag tgctgaggac cagaccaagg ctgctgagca aaagccttcc 2880

121/175

```

agtaagagta gaaaaacaga actgaatcca gagaagcata ttagccataa agcggcactt 2940
gaatggactg aaaatttact ggattatctt gaacaacaag atgacatgct tctgtctgat 3000
aaattggtat taaggaggct toggaccata ataagaaaaa aacagaagat ccaaaataac 3060
aaaaatcatt aataaggctc ttaagtattt cagtgtatct gcattcttct gactatctgc 3120
agtgaactt tgcttgtttg aagtctgtg gattccaaag ccaaatatcat ttataaatg 3180
attttggaaat tagatgtcag ttggattac ttaaattaca acttcttaaat gttgactcta 3240
gtcattgggc attgaogtgt aacttgtctt totactgttt ctaatatcta ttaattagat 3300
cataaggtac ctgaggccag ggatcttctg tctgttctgc ctgaatttgg ogtgtcta 3360
aaaggcccat gcacactata ggcactcaat aaaacttaca tttttatg 3408

```

<210> 104

<211> 263

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 104

```

Met Asp Gly Arg Arg Ser Arg His Thr Asp Asp Thr Asp Val Leu Leu
 1          5          10          15
Arg Ile His His Val Ile Gly Glu Leu Pro Thr Tyr Gly Tyr Arg Arg
 20          25          30
Val Trp Ala Leu Leu Arg Arg Gln Ala Glu Leu Asp Gly Met Pro Ala
 35          40          45
Ile Asn Ala Lys Arg Val Tyr Arg Ile Met Arg Gln Asn Ala Leu Leu
 50          55          60
Leu Glu Arg Lys Pro Ala Val Pro Pro Ser Lys Arg Ala His Thr Gly
 65          70          75          80
Arg Val Ala Val Lys Glu Ser Asn Gln Arg Trp Cys Ser Asp Gly Phe
 85          90          95
Glu Phe Cys Cys Asp Asn Gly Glu Arg Leu Arg Val Thr Phe Ala Leu
100          105          110
Asp Cys Cys Asp Arg Glu Ala Leu His Trp Ala Val Thr Thr Gly Gly
115          120          125
Phe Asn Ser Glu Thr Val Gln Asp Val Met Leu Gly Ala Val Glu Arg
130          135          140
Arg Phe Gly Asn Asp Leu Pro Ser Ser Pro Val Glu Trp Leu Thr Asp
145          150          155          160
Asn Gly Ser Cys Tyr Arg Ala Asn Glu Thr Arg Gln Phe Ala Arg Met
165          170          175
Leu Gly Leu Glu Pro Lys Asn Thr Ala Val Arg Ser Pro Glu Ser Asn
180          185          190
Gly Ile Ala Glu Ser Phe Val Lys Thr Ile Lys Arg Asp Tyr Ile Ser
195          200          205
Ile Met Pro Lys Pro Asp Gly Leu Thr Ala Ala Lys Asn Leu Ala Glu
210          215          220
Ala Phe Glu His Tyr Asn Glu Trp His Pro His Ser Ala Leu Gly Tyr
225          230          235          240
Arg Ser Pro Arg Glu Tyr Leu Arg Gln Arg Ala Cys Asn Gly Leu Ser

```

122/175

245
Asp Asn Arg Cys Leu Glu Ile
260

250

255

<210> 105
<211> 3338
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (201).. (1904)

<400> 105
gcaggggcca gaccoggacg gctocagagc ctocagagcc tccgggtctg ggcgggcgtt 60
oggctcctcc cgagccgcct gctagccccc cgccgcactc catccccaca ggctggggac 120
gggcccgggtg cggctgtgtg ggttcggggag cggagttgca gaatccaagg acccattttg 180
ttctttctcc gcaactgcttt atgggaggca ttatggcccc caaagacata atgacaaata 240
ctcatgctaa atccatcctc aattcaatga actccctcag gaagagcaat accctctgtg 300
atgtgacatt gagagtagag cagaaagact tccctgcccc tggattgtg ctggctgcct 360
gtagtgatta cttctgtgcc atgttacta gtgagctctc agagaagggg aaaccttatg 420
ttgacatcca aggtttgact gcctctacca tggaaatttt attggacttt gtgtacacag 480
aaacggtaca tgtgacagtg gagaatgtac aagaactgct tccctgcagcc tgtctgcttc 540
agttgaaagg tgtgaaacaa gcctgctgtg agttcttaga aagtcagttg gaccttcta 600
attgcctggg tattagggat ttgtctgaaa cccacaattg tgttgacctg atgcaagcag 660
ctgaggtttt tagccagaag cattttcttg aagtggtaga gcatgaagag ttcatctctc 720
tgagtcaagg agaggtggaa aagctaataca agtgogacga aattcaggtg gattctgaag 780
agccagtcct tgaggctgtc atcaactggg tgaagcatgc caagaaagag cgggaagaat 840
ccttgccctaa cctgctacag tatgtgcgga tgccttact aacccccagg tatatcacag 900
atgtaataga tgtgagcct ttcattcgcct gtagtttaca atgcagggat ctggttgatg 960
aagcaaagaa gtttcatctg aggcctgaac ttoggagtca gatgcaggga cccaggacaa 1020
gggctcgcct aggagccaat gaagtgcctt tgggtgttgg gggctttgga agccagcagt 1080
ctcccattga tgtggttagag aaatatgacc ccaagactca ggagtggagc tttttgccaa 1140
gcatactctg taagagacgt tatgtggcct cagtgtccct tcatgaccgg atctacgtca 1200
ttggtggcta tgatggcgt tccgcctta gttcagtggg atgtctagao tacacagcag 1260
atgaggatgg ggtctggtat tctgtggccc ctatgaatgt ccgacgaggt cttgctggag 1320
ccaccacccct gggagatatg atctatgtct ctggaggctt tgatggaagc aggcgtcaca 1380
ccagtatgga gcgctatgat ccaaacattg accagtggag catgctgggg gatatgcaga 1440
cagcccggga aggtgccgga ctgtagtggt ccagtggagt gatctactgt ctaggaggat 1500
atgacggctt gaatatctta aattcagttg agaaatacga cctcataca ggacattgga 1560
ctaattgttac accaatggcc accaagcgtt ctggtgcagg agtagccctg ctgaatgacc 1620
atatttatgt ggtgggggga tttgatggtg cagcccacct ttcttccgtt gaagcataca 1680
acattcgcac tgattcctgg acaactgtca ccagtatgac cactccacga tgctatgtag 1740
gggccacagt gcttcggggg agactctatg caattgcagg atatgatggt aattccctgc 1800
taagtagcat tgaatgttat gacctatca togacagctg ggaagtctg acatccatgg 1860
gaaccacagc ctgtgatgct ggtgtttgtg ttctccgcga gaagtgacca ttgttgagc 1920
accatccaga gctagtgaac agtcagtggt acagttagtg ggagtatcaa aaatccttct 1980

123/175

```

cagaatgtot gtttctoact atgtgcaccg ggtgattaca ggcaccagtg cagtgatgat 2040
tgtacttatt tgacacatac tccccgtcgt cctgggttctt gttcctgaga aggggtgggta 2100
acagatattc caggaaaaag aatgcacatt gaatggatgt gagagaccac attgcctctc 2160
ccactgcttt ggggagcact ttctgtcat ttctaactta ccacatgctt ggtgtactat 2220
atgtacgttg tgcctcatat gttgcaaaga actaaggatga gtatagccta ctatatatgg 2280
gcaatatoca gcctagatga ttggaaagat accagttaa gtaaaacttg taaaatccaa 2340
gtcttttttt tttttccag gaacaactac attttctcat atacaggtag ctaggggcaa 2400
cacagttoca ttctagaggg aaacaaaagg gagagcccca caaaacttg gggacaaggg 2460
agagagagao tcatctgaca cttcttttgg aggtcaggat ttgtatatca gaattgaagt 2520
tagaattaag tgaattaaac tgaatttgat tgtgagtga cctagaacag cactgaagta 2580
ttacataacc tggaagactg agaagggtat attatttga ggatcttttt atttccccga 2640
ggtcttttgc actggagaca gcataaaaga gtgaacaaat gttgggatga gagaagatga 2700
catcaatgtg ggagttcagt ataactgggg ataaactaga agaacctgtg attttacagt 2760
catcttatta cctgccaggg ctcatctagc catggcaatg ttgccttga atgggggtga 2820
aagcctttct ttgttggatc aaatactact acactattac acttccacac tatttatttg 2880
gggatgggct gggagtgaac gtagcctagt agttcagota cctgattact gccccattct 2940
tttagaagca catgtctgcc aaggagtggg ttgtactgct gtgtttggt catctagtct 3000
ttttctgtct ataagttttc ctacactgtc ctttagtgta gatittattc atcacaggac 3060
agaataatca aggacaacca aaatcctttt gttagtcca gtacctcagc tatcaacatt 3120
cttgagctac cattcaatgt tctctgtgt catggagtga aattottgtt ttgtgggtat 3180
taggagtgtg ggaatgtgat aacctaaaca accttgcctc tgaaattcca tttttccctc 3240
tttccctgag ttgtattgac ctacagagtt aatttccttt gtattttttt aagaaaatat 3300
taaaaatcaa cggctotcaa tgccgagagt ttgtggct 3338

```

<210> 106

<211> 568

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 106

```

Met Gly Gly Ile Met Ala Pro Lys Asp Ile Met Thr Asn Thr His Ala
1      5      10      15
Lys Ser Ile Leu Asn Ser Met Asn Ser Leu Arg Lys Ser Asn Thr Leu
20      25      30
Cys Asp Val Thr Leu Arg Val Glu Gln Lys Asp Phe Pro Ala His Arg
35      40      45
Ile Val Leu Ala Ala Cys Ser Asp Tyr Phe Cys Ala Met Phe Thr Ser
50      55      60
Glu Leu Ser Glu Lys Gly Lys Pro Tyr Val Asp Ile Gln Gly Leu Thr
65      70      75      80
Ala Ser Thr Met Glu Ile Leu Leu Asp Phe Val Tyr Thr Glu Thr Val
85      90      95
His Val Thr Val Glu Asn Val Gln Glu Leu Leu Pro Ala Ala Cys Leu
100     105     110
Leu Gln Leu Lys Gly Val Lys Gln Ala Cys Cys Glu Phe Leu Glu Ser
115     120     125
Gln Leu Asp Pro Ser Asn Cys Leu Gly Ile Arg Asp Phe Ala Glu Thr

```

124/175

130	135	140
His Asn Cys Val Asp Leu Met Gln Ala Ala Glu Val Phe Ser Gln Lys		
145	150	155
His Phe Pro Glu Val Val Gln His Glu Glu Phe Ile Leu Leu Ser Gln		160
	165	170
Gly Glu Val Glu Lys Leu Ile Lys Cys Asp Glu Ile Gln Val Asp Ser		175
	180	185
Glu Glu Pro Val Phe Glu Ala Val Ile Asn Trp Val Lys His Ala Lys		190
	195	200
Lys Glu Arg Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Leu Gln Tyr Val Arg Met		205
	210	215
Pro Leu Leu Thr Pro Arg Tyr Ile Thr Asp Val Ile Asp Ala Glu Pro		220
225	230	235
Phe Ile Arg Cys Ser Leu Gln Cys Arg Asp Leu Val Asp Glu Ala Lys		240
	245	250
Lys Phe His Leu Arg Pro Glu Leu Arg Ser Gln Met Gln Gly Pro Arg		255
	260	265
Thr Arg Ala Arg Leu Gly Ala Asn Glu Val Leu Leu Val Val Gly Gly		270
	275	280
Phe Gly Ser Gln Gln Ser Pro Ile Asp Val Val Glu Lys Tyr Asp Pro		285
	290	295
Lys Thr Gln Glu Trp Ser Phe Leu Pro Ser Ile Thr Arg Lys Arg Arg		300
305	310	315
Tyr Val Ala Ser Val Ser Leu His Asp Arg Ile Tyr Val Ile Gly Gly		320
	325	330
Tyr Asp Gly Arg Ser Arg Leu Ser Ser Val Glu Cys Leu Asp Tyr Thr		335
	340	345
Ala Asp Glu Asp Gly Val Trp Tyr Ser Val Ala Pro Met Asn Val Arg		350
	355	360
Arg Gly Leu Ala Gly Ala Thr Thr Leu Gly Asp Met Ile Tyr Val Ser		365
	370	375
Gly Gly Phe Asp Gly Ser Arg Arg His Thr Ser Met Glu Arg Tyr Asp		380
385	390	395
Pro Asn Ile Asp Gln Trp Ser Met Leu Gly Asp Met Gln Thr Ala Arg		400
	405	410
Glu Gly Ala Gly Leu Val Val Ala Ser Gly Val Ile Tyr Cys Leu Gly		415
	420	425
Gly Tyr Asp Gly Leu Asn Ile Leu Asn Ser Val Glu Lys Tyr Asp Pro		430
	435	440
His Thr Gly His Trp Thr Asn Val Thr Pro Met Ala Thr Lys Arg Ser		445
	450	455
Gly Ala Gly Val Ala Leu Asn Asp His Ile Tyr Val Val Gly Gly		460
465	470	475
Phe Asp Gly Thr Ala His Leu Ser Ser Val Glu Ala Tyr Asn Ile Arg		480
	485	490
Thr Asp Ser Trp Thr Thr Val Thr Ser Met Thr Thr Pro Arg Cys Tyr		495
	500	505
Val Gly Ala Thr Val Leu Arg Gly Arg Leu Tyr Ala Ile Ala Gly Tyr		510

125/175

515 520 525
 Asp Gly Asn Ser Leu Leu Ser Ser Ile Glu Cys Tyr Asp Pro Ile Ile
 530 535 540
 Asp Ser Trp Glu Val Val Thr Ser Met Gly Thr Gln Arg Cys Asp Ala
 545 550 555 560
 Gly Val Cys Val Leu Arg Glu Lys
 565

<210> 107
 <211> 2925
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (72).. (1160)

<400> 107
 gacggcgggt gccgcgcct cagagttact gatttattct tgagattcct ctactctcgt 60
 tatctgacct catggatgaa cttcaggatg ttcagctcac agagatcaaa ccacttctaa 120
 atgataagga acatgatata gaaacaactc atggtgtggt ccacgtcact ataagaggct 180
 taccctaaagg aaacagacca gttataactaa catatcatga cattggcctc aaccataaat 240
 cctgttccaa tgcattcttt aactttgagg atatgcaaga gatcaccag cactttgctg 300
 totgtcatgt ggatgcccc ggccagcagg aaggtgoacc ctctttccca acagggtatc 360
 agtaccctac aatggatgag ctggctgaaa tgcctgctcc tgttcttacc cacctaagcc 420
 tgaaaagcat cattggaatt ggagttggag ctggagctta catctcagc agatttgac 480
 tcaaccatcc agagcttgtg gaaggccttg tgcctattaa tgttgaccct tgcgctaaag 540
 gctggattga ctgggcagct tccaaactct ctggcctgac aaccaatgtt gtggacatta 600
 ttttggctca tcactttggg caggaagagt tacaggccaa cctggacctg atccaaacct 660
 acagaatgca tattgcccc gacatcaacc aagacaacct gcagctcttc ttgaattcct 720
 acaatggaag cagagacctg gagatcgaaa gaccataact gggccaaaat gataacaaat 780
 caaaaacatt aaagtgttct actttactgg tggtagggga caattcgctt gcagttgagg 840
 ctgtggtoga atgcaattcc cgcctgaacc ctataaatac aactttgcta aagatggcgg 900
 actgtggggg actgccccag gtagttcagc ctgggaagct caccgaggcc ttcaagtact 960
 ttttgcaggg aatgggctac ataccatctg ccagcatgac tcggctcgcc cgtacacgaa 1020
 cccactcaac ctcgagtagc ctcggtctg gagaaagtcc ctccagccgg tctgtcacca 1080
 goaatcagtc agatggaact caagaatcct gtgagtcctc tgatgtcctg gacagacacc 1140
 agaccatgga ggtgtcctgc taagcagatg ctctctccct ggaccattgc aagtccattc 1200
 ttcaaatgac cactccataa tataacattt catccagtaa actggcctct actatcttta 1260
 actcatgcat ggccactgaa cctctctcta gtagcctgga tttatcattc tctctgctg 1320
 cccacccctt tttttgtata gcccaagaac caattccatg ccatactgta acattccaac 1380
 atcttttagct gatcagatct ctccatatcc tctcttgcca gctttttccc gtgtccccc 1440
 aactatgtat cagataagat tctttgatcc cgactctgtg tgtgcgagca cgcgtgtctg 1500
 tgtttgtgtg tgcatagttc tgtggtttta gacacgcttt ctgttagtgc ttctgcaaaa 1560
 aacaaaaaag ggacttattt tgcattctca atggtgtttt taagggaatt aggcagaaca 1620
 gatttctagg ttgggttagg cactgcattc tcttttgttt gcaaatttgt caacaaaatt 1680
 tgcaaatgta tttcaggaga gacagcttt gaggaatgtg gaaaatcata attgccgtct 1740

126/175

```

ggaccattga ttgattgtga ccagtagcag aagggtgcct gttacataga gaggctcctt 1800
ctgtccaaat gaatttctgt atactcttct ataaataaaa gggaggaata tattctgctg 1860
gaagcccatg aaccatcgct gaggttctga tacaacatag agttttttcc aaggagtga 1920
tgttggttaa ttactggact ctcttagcac aggaagggtg aaacaaaatg ccaggcctct 1980
gctctgaaga gcaaaactgc tgcgctgca gtatctgata ccagacatcc acatatccac 2040
aagaagtgcc tcttaggtct gtgacagaga gtgtgtctcc attcctcagt tcccagaaag 2100
gggagagggt tggcctaaaa agcatgtaga tggggagaga atgggtggg ggagaggaa 2160
agccattaac acagtatcat gttaacaag tatagccttg atttcagtag atgtaatgga 2220
agccaaatta aattgataca gaaccattt ctgagagtct tttttttt ttgagacaga 2280
gtctcgctgt taccaggct ggagtgaat ggcgaaact tggctcactg caacctctgc 2340
ccctgggtt caagogatc tctgcctca gctcccgag tagctgagac tacaggcacc 2400
tgccaccata ccagctaag ttatgtatt ttataggga tggagtttca ccattgttgc 2460
caggctggtc tcaaatcct gacctcaggt gatccacctg cctcagcctc ccaaagtgt 2520
gggattacag gcatgagtc ttgtcccag ccattagaaa gattgttaat cctatgaact 2580
cccttttga ggagagaaag ggccaatctg taggggtagc cctgtccagg taaagtgtt 2640
ttcagcctca tgtctactgt taggtgagg agtcacagcc agacagagag tattgtgga 2700
gggtgagaga attgtggaga ccaactacca catagcaaga gccagctct tgggagcatt 2760
gagatgtaag ctgagggtta cacagtcca aatcttgga aggggcttt cagacagact 2820
gtttgcttc tgctgagata aggaatgcat cactctgca gtagtagact tttacggat 2880
tattaaataa agctgcatat gtctcattgt taaaaaaaaa aaaag 2925

```

<210> 108

<211> 363

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 108

```

Met Asp Glu Leu Gln Asp Val Gln Leu Thr Glu Ile Lys Pro Leu Leu
 1           5           10           15
Asn Asp Lys Glu His Asp Ile Glu Thr Thr His Gly Val Val His Val
          20           25           30
Thr Ile Arg Gly Leu Pro Lys Gly Asn Arg Pro Val Ile Leu Thr Tyr
          35           40           45
His Asp Ile Gly Leu Asn His Lys Ser Cys Ser Asn Ala Phe Phe Asn
          50           55           60
Phe Glu Asp Met Gln Glu Ile Thr Gln His Phe Ala Val Cys His Val
          65           70           75           80
Asp Ala Pro Gly Gln Gln Glu Gly Ala Pro Ser Phe Pro Thr Gly Tyr
          85           90           95
Gln Tyr Pro Thr Met Asp Glu Leu Ala Glu Met Leu Pro Pro Val Leu
          100          105          110
Thr His Leu Ser Leu Lys Ser Ile Ile Gly Ile Gly Val Gly Ala Gly
          115          120          125
Ala Tyr Ile Leu Ser Arg Phe Ala Leu Asn His Pro Glu Leu Val Glu
          130          135          140
Gly Leu Val Leu Ile Asn Val Asp Pro Cys Ala Lys Gly Trp Ile Asp
          145          150          155          160

```

127/175

Trp Ala Ala Ser Lys Leu Ser Gly Leu Thr Thr Asn Val Val Asp Ile
 165 170 175
 Ile Leu Ala His Phe Gly Gln Glu Leu Gln Ala Asn Leu Asp
 180 185 190
 Leu Ile Gln Thr Tyr Arg Met His Ile Ala Gln Asp Ile Asn Gln Asp
 195 200 205
 Asn Leu Gln Leu Phe Leu Asn Ser Tyr Asn Gly Arg Arg Asp Leu Glu
 210 215 220
 Ile Glu Arg Pro Ile Leu Gly Gln Asn Asp Asn Lys Ser Lys Thr Leu
 225 230 235 240
 Lys Cys Ser Thr Leu Val Val Gly Asp Asn Ser Pro Ala Val Glu
 245 250 255
 Ala Val Val Glu Cys Asn Ser Arg Leu Asn Pro Ile Asn Thr Thr Leu
 260 265 270
 Leu Lys Met Ala Asp Cys Gly Gly Leu Pro Gln Val Val Gln Pro Gly
 275 280 285
 Lys Leu Thr Glu Ala Phe Lys Tyr Phe Leu Gln Gly Met Gly Tyr Ile
 290 295 300
 Pro Ser Ala Ser Met Thr Arg Leu Ala Arg Ser Arg Thr His Ser Thr
 305 310 315 320
 Ser Ser Ser Leu Gly Ser Gly Glu Ser Pro Phe Ser Arg Ser Val Thr
 325 330 335
 Ser Asn Gln Ser Asp Gly Thr Gln Glu Ser Cys Glu Ser Pro Asp Val
 340 345 350
 Leu Asp Arg His Gln Thr Met Glu Val Ser Cys
 355 360

<210> 109

<211> 2677

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (240).. (1001)

<400> 109

gtttttaoct aagcaagcct gggcaatggc gggcgctccct cccccagcct cgttgccgcc 60
 ttgcagtttg atctcagact gctgtgctag caatcagoga gattccgtgg gcgtaggacc 120
 ctctgagcca ggaactgaag ttaaaagatg aagaattga gaggctttca aaagtgcgag 180
 atcaacttgg acaggaattg gaagaactca cagctagtct atttgaggaa gctcataaaa 240
 tggtagagaga agcaaatatc aagcaggcaa cagcagaaaa acagotaaaa gaagcacaag 300
 gaaaaattga tgtacttcaa gctgaagtag ctgcattgaa gacacttgta ttgtccagtt 360
 ctccaacatc acctacgcag gagcctttgc cagggtggaa gacacctttt aaaaaggggc 420
 atacaagaaa caaaagcaca agcagtgcata tgagtggcag tcacaggac ctcagtgtga 480
 tacagccaat tgtaaaagac tgcaaagagg ctgacttata cttgtataat gaattccgat 540
 tgtggaagga tgagcccaca atggacagga cgtgtccttt cttagacaaa atctaccagg 600

128/175

```

aagatatctt tccatgttta acattctcaa aaagtgaagt ggcttcagct gttctggagg 660
ctgtggaaaa caatactcta agcattgaac cagtgggatt acaacctatc cggtttgtga 720
aagcttotgc agttgaatgc ggaggaccaa aaaaatgtgc tctcactggc cagagtaagt 780
cctgtaaaaa cagaattaaa ttaggggact caagcaacta ttattatatt tctccttttt 840
gcagatacag gatcacttct gtatgtaact tttttacata cattcgatac attcagcagg 900
gactcgtgaa acagcaggat gttgatcaga tgttttggga ggttatgcag ttgagaaaag 960
agatgtcatt ggcaaagctg ggttatttca aagaggaact ctgatgctct gcgtgggacc 1020
atgcctgaac tcccogaata actgaaaaat ggctgaatat ttttatggtt acttgatatt 1080
tatttccaag gagtggacct aagacttttt tccccttttg caaattgctc taagaagtac 1140
catgatttct tttaaactga tctatgctgt gtttgcttat tcttagttg aacacactat 1200
gaagaattcc aggtgtacta gtgaatgtaa tttatagttg ccaaaaaaaaa aaaacaaacc 1260
tgaaataaat aaatgttiaga ttgaatgtgt gtacattttc tcttctagct ctgacatggc 1320
atitaggggt agcagaatgt attaaatagt aattttcaaa ctacacagta gcttcttcc 1380
ttgtgagagg caagaaagaa gtctgagtggt atagtactca ctttccaagg ccccccacct 1440
tagaatggct ttatttttat ctgttttota tattgggttt caaaaaagat tttatttgaa 1500
gaaatacttc tgctgtctaca aagtttgaaa gttactattt taattattct gctctctgta 1560
actgaaagaa tccctttatt ttggttattc attaaaatat aatagaaggc agtcagattt 1620
tatcccagag atgtattcct gagtgtcttg atatagtgtt ttcattgttt atatgtgttg 1680
accactatat tgcatttgga gggacataga tgtaaatgag ttgacgtgt gtcaaagggg 1740
tttaaaaggg tggtgattga atgaatggta cgtgcgaagt atatgotgat tatagaacca 1800
cttgatctct gcattccaat ttgtaaaact gactcaactg gagaaattat aacaaagagg 1860
tttgtggtag aaatgtaata agtatagaaa agcaaaaaga aaagagaaac tgctttagtt 1920
tctgtttaga gaaagctgct gttaatattt ttggatagta gcccttcagc tttcagatat 1980
tttctactta catatgcata tttttgaaac aaaaagtagg cttttttttt gcttttttaa 2040
cctaaacatt aaatatattt tcccttgggt aaacctacac atcctaattc ctgtttatag 2100
aattttaaca taatttaatt gtgtttggag atgaggtggt ttccagttta tttttcatat 2160
tataatgctg tgacgagtat ccttatctgt acacttctga acattgtgga gttctttcat 2220
gtggatgctt ggagataaaa ttgtgtcgag atatatatgt atttttaaat gtttgatctg 2280
cattgtatga ttgocatcca gaaaagttaa tcaatttgta ttcacagcag cagtgtacaa 2340
gagggtcgtt tttctgaaga taacattttt ttcagtctgt ttcagagggt tggccaatct 2400
tacctgtaga tgacttcagc caccaggctg gatgggagcc cacagacaaa aggacattgg 2460
tgtatgttat ggtgaaaacc atcagtacca tgcctagctc aagaatgtga aattgaacct 2520
gaaaaaaact ttgaacctac aattttatgt tctgaaaata gtattctaa tgtgagggca 2580
ttaataagaa tatgtaccat caaagcatca gaagattttc catacaaact aaaatcactt 2640
ttggagaaag tacctaaata aaaagagaaa caaatcc 2677

```

<210> 110

<211> 254

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 110

```

Met Val Arg Glu Ala Asn Ile Lys Gln Ala Thr Ala Glu Lys Gln Leu
  1           5           10          15
Lys Glu Ala Gln Gly Lys Ile Asp Val Leu Gln Ala Glu Val Ala Ala
      20           25           30
Leu Lys Thr Leu Val Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Pro Thr Gln Glu

```

129/175

35 40 45
 Pro Leu Pro Gly Gly Lys Thr Pro Phe Lys Lys Gly His Thr Arg Asn
 50 55 60
 Lys Ser Thr Ser Ser Ala Met Ser Gly Ser His Gln Asp Leu Ser Val
 65 70 75 80
 Ile Gln Pro Ile Val Lys Asp Cys Lys Glu Ala Asp Leu Ser Leu Tyr
 85 90 95
 Asn Glu Phe Arg Leu Trp Lys Asp Glu Pro Thr Met Asp Arg Thr Cys
 100 105 110
 Pro Phe Leu Asp Lys Ile Tyr Gln Glu Asp Ile Phe Pro Cys Leu Thr
 115 120 125
 Phe Ser Lys Ser Glu Leu Ala Ser Ala Val Leu Glu Ala Val Glu Asn
 130 135 140
 Asn Thr Leu Ser Ile Glu Pro Val Gly Leu Gln Pro Ile Arg Phe Val
 145 150 155 160
 Lys Ala Ser Ala Val Glu Cys Gly Gly Pro Lys Lys Cys Ala Leu Thr
 165 170 175
 Gly Gln Ser Lys Ser Cys Lys His Arg Ile Lys Leu Gly Asp Ser Ser
 180 185 190
 Asn Tyr Tyr Tyr Ile Ser Pro Phe Cys Arg Tyr Arg Ile Thr Ser Val
 195 200 205
 Cys Asn Phe Phe Thr Tyr Ile Arg Tyr Ile Gln Gln Gly Leu Val Lys
 210 215 220
 Gln Gln Asp Val Asp Gln Met Phe Trp Glu Val Met Gln Leu Arg Lys
 225 230 235 240
 Glu Met Ser Leu Ala Lys Leu Gly Tyr Phe Lys Glu Glu Leu
 245 250

<210> 111

<211> 3448

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (104).. (1057)

<400> 111

gtgogcgctc cctcgggtgcg gcgggctgcg tgcgcgagtg ggaggtggca ggcctgcgac 60
 tccggccttg tccgcgcccg ctctcggcgc gacgtctcca gccatgaacc ggtttggtac 120
 ccggttggtg ggagccacgg cgacttcttc gccgccgccg aaggcccgca gcaatgaaaa 180
 cctcgacaaa atagatatgt ctttgatga tatcatcaag ttgaatcgaa aggaaggaa 240
 gaagcagaat ttccaagac taaatagaag actcctccag caaagtggg cccagcaatt 300
 caggatgaga gtgcgatggg gaatccaaca gaattctggt tttgtaaga ctagtctgaa 360
 tcatagagga agagtaatgc ctggaaagag acgtcctaag ggagttatca ctggccttgc 420
 agotaggaaa acgactggaa ttcgaaaagg aattagtcct atgaatcgtc caccctaaag 480
 tgacaagaat atagaacaat atttccaggt gttaaaaagg aaggcaaacc ttctgagaca 540

```

aaatgaaggc cagaggaaac cagtagcagt tctcaagaga cctagccagc taagcagaaa 600
aaataacatt ccagctaatt ttaccaggag tggaaataaa ttaaatcatc agaaagatac 660
tcgtcaggca actttttctt toagaagagg cctgaagggt caggcccagt tgaatacaga 720
acaactgcta gacgatgtag tagcaaagag aactcgtcaa tggcggactt ccaccacaaa 780
tggaggggatt ttgactgtat ctattgacaa tcctggagca gtgcaatgcc cagtaactca 840
gaaaccacga ttaactcgta ctgctgtacc ttcatittta acaaagcggg ggcaaaagtga 900
cgtcaagaaa gttoctaaag gtgttccctt gcagtttgac ataaacagtg tcggaaaaca 960
gacagggatg acgttgaatg agcggtttgg gatcctgaag gaacaaagag ccactctcac 1020
atacaacaaa gggggaagcc gotttgtcac cgtgggatag gtcccatgtc aaaggaactt 1080
ttgagtgtat actctgagaa gttagaattgc ttgaagagtt catcacggaa attcaagaaa 1140
ctttacttca aaatattcac aaggctaaat aactcttatt tttatttttg aaggtttttt 1200
tttttaaaaa aaaaaacgta taaaataatg ccctgaaaga ataataggga ttatacctgt 1260
ctgttcttaa agatttcatg gttagctcag acagaacaat catctgtttg acttctttgg 1320
ttcctcatgc agcagaagga agacagaaag atagaaattg attattttta tgatagcgtt 1380
attcaggatc tcatcacctt tgcccgtgtt ttagactttg tcatggtaaa tcctggtctt 1440
cataaacatg agtaggtccc ttggttgctg tcacttgccc tttaatagtg ttgatgtagt 1500
cagtgcctgt gccttttctt cattagagac acagaacaat gtattagaat ttccagctgt 1560
gggtttgaag acttaggggg acatccagaa cgtgcttctt ctttcagacg gtgtaaagtc 1620
ccctggaatt acacagcttt agtgctgagc ttttaacagg aaatgtggcc ctaggattta 1680
gtcttagttt aaaatgttgg tgtttagaga ctgtaaatgc atattcaca agttatctga 1740
tagggccttg gaggagaagg tcagtttta aaaaatgaca gtttgtgtt aataaatgaa 1800
ggcatgagag gaagtaagta gcaagttgaa ggacaggtag ttgagatgaa acacttcaaa 1860
accctggtta tagatgtact gtttggatgt agcatagtct tgagtctago gtccacaaag 1920
aattattcaa atgatattta gaagaattat aactattaca ttgaatggag tcccttggat 1980
attttgatag taaaattaat agccataaag tcttagactt cttatttgaa gttaaaattt 2040
cttatttgaa aagttgaaat ttatgagctt tgaagattgc taaattaaat aatttatagc 2100
tccaaaaaca aaaatatact tgtatatgtc acagagaaaa aaaatgocaa atttataata 2160
gagttacatt aaccttgttg tttaccttcc actgatttct tatatggtat aaattaaagt 2220
tcaggcattt atggggagaa aaggccctcc ccaccgccc gccacctgcc acctctgacg 2280
gagtgggaga agttagtctg tgotaagata gtactgagtc ccagatgtt gtgtactgta 2340
aattacagta taatgccaaa tgcagcaaaa tcttccagct gtacgttaca agtttggta 2400
ttttgaagct tgacatttta gtttgcatt atgttaaaaa catctaaata ggtgttagtt 2460
tctcaggagt agattgttag tgttgacttt tctgtaaaag cagacatcgt tcttggcctg 2520
ccctgcattg tatactagat ttcatgttg tctctcatgc ttcttgagtt gcttcatggt 2580
ttatgctcgc catggaaagc tatcagtaac agtttcatgc ttataccaaa gaattaaatc 2640
tgatctttaa tatctgatat tttcctggta ctctgactga taagggatta ttggaagtca 2700
gtcacagaat ttggaataaa attctagtct ctcttagct atttgatgct tttcatatag 2760
gccaagaact cattgcaaaa catitttgca aggatgaatg cctgtatttg gtctaggaac 2820
agtacatttt agtctgattt agaattactg gtacttatt ttaaaagaa gaaaagcagc 2880
tgagctcaag tttgctgtct ttagaatggt ttgtgaaaat atggtataaa ggtgttttca 2940
ttttcctgtt cttacctatt attgtataga gctattcatg ccattttttg ggaaaacttt 3000
aaaaattgcc ccaaatactg acattgagtg cattaaataa caaattatct ttgatacatt 3060
aaacttttat tcttcatgca tctgtaattt aattttaagt ataagtgttt gccttttgga 3120
caactaaatt aaaactcttg gtggtcacat attgtatata aacaaaacaa tatgctttgt 3180
tgaaggaaaa ttttctttat tggaatgtgg ttgtaatcct tgttcagttc ttaagtttcg 3240
gtttttttta aaaacaggat gcaacttaaa cttttctttg catoaaggta tatgaaaaac 3300
attggtgccg tgcattacca aatgaaagtt tgtatttaac gaggagggtc tttacactgt 3360
acttttttgt gttttttgga aaagttacat ttgatcttat tctgaagctg ttcattttta 3420

```

131/175

acaaataaaa tgttacaggt ttacacatg

3448

<210> 112

<211> 318

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 112

Met	Asn	Arg	Phe	Gly	Thr	Arg	Leu	Val	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Ser	Ser
1				5					10					15	
Pro	Pro	Pro	Lys	Ala	Arg	Ser	Asn	Glu	Asn	Leu	Asp	Lys	Ile	Asp	Met
			20					25					30		
Ser	Leu	Asp	Asp	Ile	Ile	Lys	Leu	Asn	Arg	Lys	Glu	Gly	Lys	Lys	Gln
		35					40					45			
Asn	Phe	Pro	Arg	Leu	Asn	Arg	Arg	Leu	Leu	Gln	Gln	Ser	Gly	Ala	Gln
	50					55					60				
Gln	Phe	Arg	Met	Arg	Val	Arg	Trp	Gly	Ile	Gln	Gln	Asn	Ser	Gly	Phe
	65				70					75					80
Gly	Lys	Thr	Ser	Leu	Asn	His	Arg	Gly	Arg	Val	Met	Pro	Gly	Lys	Arg
			85					90						95	
Arg	Pro	Asn	Gly	Val	Ile	Thr	Gly	Leu	Ala	Ala	Arg	Lys	Thr	Thr	Gly
		100						105					110		
Ile	Arg	Lys	Gly	Ile	Ser	Pro	Met	Asn	Arg	Pro	Pro	Leu	Ser	Asp	Lys
	115					120						125			
Asn	Ile	Glu	Gln	Tyr	Phe	Pro	Val	Leu	Lys	Arg	Lys	Ala	Asn	Leu	Leu
	130					135					140				
Arg	Gln	Asn	Glu	Gly	Gln	Arg	Lys	Pro	Val	Ala	Val	Leu	Lys	Arg	Pro
	145				150					155					160
Ser	Gln	Leu	Ser	Arg	Lys	Asn	Asn	Ile	Pro	Ala	Asn	Phe	Thr	Arg	Ser
			165					170						175	
Gly	Asn	Lys	Leu	Asn	His	Gln	Lys	Asp	Thr	Arg	Gln	Ala	Thr	Phe	Leu
		180						185					190		
Phe	Arg	Arg	Gly	Leu	Lys	Val	Gln	Ala	Gln	Leu	Asn	Thr	Glu	Gln	Leu
	195						200					205			
Leu	Asp	Asp	Val	Val	Ala	Lys	Arg	Thr	Arg	Gln	Trp	Arg	Thr	Ser	Thr
	210					215					220				
Thr	Asn	Gly	Gly	Ile	Leu	Thr	Val	Ser	Ile	Asp	Asn	Pro	Gly	Ala	Val
	225				230					235					240
Gln	Cys	Pro	Val	Thr	Gln	Lys	Pro	Arg	Leu	Thr	Arg	Thr	Ala	Val	Pro
			245					250						255	
Ser	Phe	Leu	Thr	Lys	Arg	Gly	Gln	Ser	Asp	Val	Lys	Lys	Val	Pro	Lys
		260						265					270		
Gly	Val	Pro	Leu	Gln	Phe	Asp	Ile	Asn	Ser	Val	Gly	Lys	Gln	Thr	Gly
	275					280						285			
Met	Thr	Leu	Asn	Glu	Arg	Phe	Gly	Ile	Leu	Lys	Glu	Gln	Arg	Ala	Thr
	290					295					300				
Leu	Thr	Tyr	Asn	Lys	Gly	Gly	Ser	Arg	Phe	Val	Thr	Val	Gly		

132/175

305

310

315

<210> 113

<211> 3388

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (395).. (2773)

<400> 113

```

acoggtaccg gccgcgcgct ggtagtggcc ggtgtggctg caccacacca atcccggtcg 60
ccgcggctgg gccgtcggag agtgcgtgtg ctctctctct gcacgcggtg cttgggctcg 120
gccaggcggg gtcgcgccgc agggtttgag gatgggggag tagctacagg aagcgacccc 180
gcgatggcaa ggtatatttt tgtggaatga aaaggaagta ttagaaatga gctgaagacc 240
attcacagat taatatTTTT ggggacagat ttgtgatgct tgattcacc ttgaagtaat 300
gtagacagaa gttctcaaat ttgcatatta catcaactgg aaccagcagt gaatcttaat 360
gttcaactta atcagaactt gcataagaaa gagaatggga gtctgggtcaa ataaagatga 420
ctatatcaga gaottgaaaa ggatcattct ctgtttttotg atagtgtata tggccatttt 480
agtgggcaca gatcaggatt ttacagttt acttggagtg tccaaaactg caagcagtag 540
agaaataaga caagctttca agaaattggc attgaagtta catctgata aaaaccogaa 600
taaccocaaat gcacatggcg atttttttaa aataaataga gcatatgaag tactcaaaga 660
tgaagatcta cggaaaaaat atgacaaata tggagaaaag ggacttgagg ataatoaagg 720
tggccagtat gaaagctgga actattatcg ttatgatttt ggtatttatg atgatgatcc 780
tgaaatcata acattggaaa gaagagaatt tgatgctgct gtttaattctg gagaactgtg 840
gtttgtaaat ttttactccc caggctgttc acactgccat gatttagctc ccacatggag 900
agactttgct aaagaagtgg atgggttact tcgaattgga gotgttaact gtggtgatga 960
tagaatgctt tgccgaatga aaggagtcaa cagctatccc agcctcttca tttttcggtc 1020
tggaatggcc ccagtgaat atcatggaga cagatcaaaag gagagtttag tgagttttgc 1080
aatgcagcat gttagaagta cagtgcaga actttggaca ggaaattttg tcaactccat 1140
acaactgct tttgtctgtg gtattggctg gctgatcact tttgtttcaa aaggaggaga 1200
ttgtttgact tcacagacac gactcaggct tagtggcatg ttggatggtc ttgttaatgt 1260
aggatggatg gactgtgcca ccaggataa ctttgttaa agcttagata ttacaacaag 1320
tactactgct tattttctc ctggagccac tttaaataac aaagagaaa acagtatttt 1380
gtttotcaac tcattggatg ctaaagaaat atatttgga gtaatacata atcttcaga 1440
ttttgaacta ctttcggcaa acacactaga ggatogtttg gctcatcatc ggtggctgtt 1500
attttttcat ttggaaaaa atgaaaattc aaatgatcct gagctgaaa aactaaaaac 1560
tctacttaaa aatgatcata ttcaagttgg caggtttgac tgttctctg caccagacat 1620
ctgtagtaat ctgtatgtt ttacgccgtc tctagcagta tttaaaggac aaggaaccaa 1680
agaatatgaa atcoatcatg gaaagaagat totatatgat atacttgcct ttgcaaaga 1740
aagtgtgaat tctcatgtt ccacgcttgg acctcaaat ttctctgcca atgacaaaga 1800
acctggcctt gttgatttct ttgcccctg gtgtccacca tctgagctt tactaccaga 1860
gttacgaaga gcatcaaat ttctttatgg tcagcttaag ttgtgtacac tagattgtac 1920
agtcoatgag ggactctgta acatgtataa cattcaggct tatccaaca cagtgttatt 1980
caaccagtcc aacattcatg agtatgaagg acatcactct gotgaacaaa tottgagatt 2040
catagaggat ottatgaatc cttcagttgt ctccottaca ccaccacct tcaacgaact 2100

```

133/175

```

agttacacaa agaaaacaca aogaagtctg gatggttgat ttctattctc cgtggtgtca 2160
tccttgcoaa gtcttaatgc cagaatggaa aagaatggcc cggacattaa ctggactgat 2220
caacgtgggc agtatagatt gccaacagta tcattctttt tgtgcccagg aaaacgttca 2280
aagataccct gagataagat tttttccccc aaaatcaaat aaagottatc attatcacag 2340
ttacaatggt tggaataggg atgcttattc cctgagaatc tggggtctag gatttttacc 2400
tcaagtatcc acagatctaa cacctcagac tttcagtcaa aaagttctac aagggaacaa 2460
tcattgggtg attgatttct atgctccttg gtgtggacct tgccagaatt ttgctccaga 2520
atttgagctc ttggctagga tgattaaagg aaaagtgaag gotggaaaag tagactgtca 2580
ggcttatgct cagacatgcc agaaagctgg gatcagggcc tatccaactg ttaaatttta 2640
tttctacgaa agagcaaata gaaattttca agaagagcag ataaatacca gagatgcaa 2700
agcaatcgct gccttaataa gtgaaaaatt ggaaactctc cgaaatcaag gcaagaggaa 2760
taaggatgaa ctttgataat gttgaagatg aagaaaaagt ttaaaagaaa ttotgacaga 2820
tgacatcaga agacacctat ttagaatgtt acatttatga tgggaatgaa tgaacattat 2880
cttagaactg cagtgtgact gccagaatta tctacagcac tgggtgtaaa gaagggtotg 2940
caaacttttt ctgtaaaggg cgggtttata agtatttttag actttgcagg ctataatata 3000
tggttcacac atgagaacaa gaatagagtc atcatgtatt ctttgttatt tgottttaac 3060
aacctttaa aaatattaaa acgattctta gctcagagcc atacaaaagt aggctggatt 3120
cagtccatgg accatagatt gctgtccccc tgcacggact tataatgttt cagggtggctg 3180
gcttgaacat gagtctgctg tgotatctac ataaatgtct aagttgtata aagtccactt 3240
tcccttcacg tttttggct gacctgaaaa gaggttaactt agtttttgg cacttgttct 3300
cctaaaaatg ctatccctaa ccatgtattt atattccgtt ttaaaaacac ccatgatgtg 3360
gcacagtaaa caaaccctgt tatgctgt 3388

```

<210> 114

<211> 793

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 114

```

Met Gly Val Trp Ser Asn Lys Asp Asp Tyr Ile Arg Asp Leu Lys Arg
  1           5           10          15
Ile Ile Leu Cys Phe Leu Ile Val Tyr Met Ala Ile Leu Val Gly Thr
  20          25          30
Asp Gln Asp Phe Tyr Ser Leu Leu Gly Val Ser Lys Thr Ala Ser Ser
  35          40          45
Arg Glu Ile Arg Gln Ala Phe Lys Lys Leu Ala Leu Lys Leu His Pro
  50          55          60
Asp Lys Asn Pro Asn Asn Pro Asn Ala His Gly Asp Phe Leu Lys Ile
  65          70          75          80
Asn Arg Ala Tyr Glu Val Leu Lys Asp Glu Asp Leu Arg Lys Lys Tyr
  85          90          95
Asp Lys Tyr Gly Glu Lys Gly Leu Glu Asp Asn Gln Gly Gly Gln Tyr
 100         105         110
Glu Ser Trp Asn Tyr Tyr Arg Tyr Asp Phe Gly Ile Tyr Asp Asp Asp
 115         120         125
Pro Glu Ile Ile Thr Leu Glu Arg Arg Glu Phe Asp Ala Ala Val Asn
 130         135         140

```


134/175

Ser Gly Glu Leu Trp Phe Val Asn Phe Tyr Ser Pro Gly Cys Ser His
 145 150 155 160
 Cys His Asp Leu Ala Pro Thr Trp Arg Asp Phe Ala Lys Glu Val Asp
 165 170 175
 Gly Leu Leu Arg Ile Gly Ala Val Asn Cys Gly Asp Asp Arg Met Leu
 180 185 190
 Cys Arg Met Lys Gly Val Asn Ser Tyr Pro Ser Leu Phe Ile Phe Arg
 195 200 205
 Ser Gly Met Ala Pro Val Lys Tyr His Gly Asp Arg Ser Lys Glu Ser
 210 215 220
 Leu Val Ser Phe Ala Met Gln His Val Arg Ser Thr Val Thr Glu Leu
 225 230 235 240
 Trp Thr Gly Asn Phe Val Asn Ser Ile Gln Thr Ala Phe Ala Ala Gly
 245 250 255
 Ile Gly Trp Leu Ile Thr Phe Cys Ser Lys Gly Gly Asp Cys Leu Thr
 260 265 270
 Ser Gln Thr Arg Leu Arg Leu Ser Gly Met Leu Asp Gly Leu Val Asn
 275 280 285
 Val Gly Trp Met Asp Cys Ala Thr Gln Asp Asn Leu Cys Lys Ser Leu
 290 295 300
 Asp Ile Thr Thr Ser Thr Ala Tyr Phe Pro Pro Gly Ala Thr Leu
 305 310 315 320
 Asn Asn Lys Glu Lys Asn Ser Ile Leu Phe Leu Asn Ser Leu Asp Ala
 325 330 335
 Lys Glu Ile Tyr Leu Glu Val Ile His Asn Leu Pro Asp Phe Glu Leu
 340 345 350
 Leu Ser Ala Asn Thr Leu Glu Asp Arg Leu Ala His His Arg Trp Leu
 355 360 365
 Leu Phe Phe His Phe Gly Lys Asn Glu Asn Ser Asn Asp Pro Glu Leu
 370 375 380
 Lys Lys Leu Lys Thr Leu Leu Lys Asn Asp His Ile Gln Val Gly Arg
 385 390 395 400
 Phe Asp Cys Ser Ser Ala Pro Asp Ile Cys Ser Asn Leu Tyr Val Phe
 405 410 415
 Gln Pro Ser Leu Ala Val Phe Lys Gly Gln Gly Thr Lys Glu Tyr Glu
 420 425 430
 Ile His His Gly Lys Lys Ile Leu Tyr Asp Ile Leu Ala Phe Ala Lys
 435 440 445
 Glu Ser Val Asn Ser His Val Thr Thr Leu Gly Pro Gln Asn Phe Pro
 450 455 460
 Ala Asn Asp Lys Glu Pro Trp Leu Val Asp Phe Phe Ala Pro Trp Cys
 465 470 475 480
 Pro Pro Cys Arg Ala Leu Leu Pro Glu Leu Arg Arg Ala Ser Asn Leu
 485 490 495
 Leu Tyr Gly Gln Leu Lys Phe Gly Thr Leu Asp Cys Thr Val His Glu
 500 505 510
 Gly Leu Cys Asn Met Tyr Asn Ile Gln Ala Tyr Pro Thr Thr Val Val
 515 520 525

135/175

Phe Asn Gln Ser Asn Ile His Glu Tyr Glu Gly His His Ser Ala Glu
 530 535 540
 Gln Ile Leu Glu Phe Ile Glu Asp Leu Met Asn Pro Ser Val Val Ser
 545 550 555 560
 Leu Thr Pro Thr Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Gln Arg Lys His Asn
 565 570 575
 Glu Val Trp Met Val Asp Phe Tyr Ser Pro Trp Cys His Pro Cys Gln
 580 585 590
 Val Leu Met Pro Glu Trp Lys Arg Met Ala Arg Thr Leu Thr Gly Leu
 595 600 605
 Ile Asn Val Gly Ser Ile Asp Cys Gln Gln Tyr His Ser Phe Cys Ala
 610 615 620
 Gln Glu Asn Val Gln Arg Tyr Pro Glu Ile Arg Phe Phe Pro Pro Lys
 625 630 635 640
 Ser Asn Lys Ala Tyr His Tyr His Ser Tyr Asn Gly Trp Asn Arg Asp
 645 650 655
 Ala Tyr Ser Leu Arg Ile Trp Gly Leu Gly Phe Leu Pro Gln Val Ser
 660 665 670
 Thr Asp Leu Thr Pro Gln Thr Phe Ser Glu Lys Val Leu Gln Gly Lys
 675 680 685
 Asn His Trp Val Ile Asp Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly Pro Cys Gln
 690 695 700
 Asn Phe Ala Pro Glu Phe Glu Leu Leu Ala Arg Met Ile Lys Gly Lys
 705 710 715 720
 Val Lys Ala Gly Lys Val Asp Cys Gln Ala Tyr Ala Gln Thr Cys Gln
 725 730 735
 Lys Ala Gly Ile Arg Ala Tyr Pro Thr Val Lys Phe Tyr Phe Tyr Glu
 740 745 750
 Arg Ala Asn Arg Asn Phe Gln Glu Glu Gln Ile Asn Thr Arg Asp Ala
 755 760 765
 Lys Ala Ile Ala Ala Leu Ile Ser Glu Lys Leu Glu Thr Leu Arg Asn
 770 775 780
 Gln Gly Lys Arg Asn Lys Asp Glu Leu
 785 790

<210> 115

<211> 1286

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (32).. (1171)

<400> 115

gcttcctcgt tgcctccgcc gggggcgcca gatggattcc ggggtcgtgt tgttcggcgg 60
 cgagttcgag gactcgtgt tgcaggagag gccggagcgg cggtcaggac cgcctcgcto 120

136/175

```

ctactgcgcc aagctctgcg agccgcagtg gttttatgaa gaaacagaaa gcagtgatga 180
tgttgaagtg ctgactctca agaaattcaa aggagacctg gcctacagac gacaagagta 240
tcagaaagca ctgcaggagt attocagtat ctotgaaaaa ttgtcatcaa ccaattttgc 300
catgaaaagg gatgtccagg aaggtcaggc tcggtgtctg gtcacactgg gtaggcata 360
ggaggcgctg gagattgctg caaacttgga aaataaagca accaacacag accatttaac 420
cacggtactc tacotccagc ttgotatttg ttaagtttg cagaacttgg agaaaacaat 480
tttctgcctg cagaaactga tttotttgca tcottttaat cottggaact ggggcaaatt 540
ggcagaggct tacotgaatc tggggccagc tctttcagca gcacttgcgt catctcagaa 600
acagcacagt ttcacctcaa gtgacaaaac tatcaaatcc ttctttccac actcaggaaa 660
agactgtott ttgtgttttc ctgaaacott gcotgagagc totttatttt ctgttgaagc 720
gaatagcagt aatagccaga aaaatgagaa agctotgaca aatatccaaa actgtatggc 780
agaaaagaga gaaacagtggt tgatagagac tcagctgaaa gcattgtgct cttttatacg 840
aaccaggctt ctgottcagt ttaoccaaacc tcagaaaaca tcgtttgctt tggagaggaa 900
cttaaggact cagcaggaaa ttgaagataa aatgaaaggg ttcagcttca aagaagacac 960
tttgcgtgtg atagctgagg ttatgggaga agatatccca gaaaaataa aagatgaagt 1020
tcaccagag gtgaagtgtg ttggtccgt agccctgact gccttgggtg ctgtatcctc 1080
agaagaattt gaagacaagt ggttcagaaa gatocaaagac cattctgtc catttgaaaa 1140
tcagttccat acagagatac aaatcttggc ttagtgggtt ataaaaaca aaaccacaaa 1200
tatcttgtac tgtattaatt gtcttgttt acttcagaca ggatccattg ctaatcatgg 1260
agtataaatg attatttatg ttttat 1286

```

<210> 116

<211> 380

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 116

```

Met Asp Ser Gly Cys Trp Leu Phe Gly Gly Glu Phe Glu Asp Ser Val
 1           5           10           15
Phe Glu Glu Arg Pro Glu Arg Arg Ser Gly Pro Pro Ala Ser Tyr Cys
 20           25           30
Ala Lys Leu Cys Glu Pro Gln Trp Phe Tyr Glu Glu Thr Glu Ser Ser
 35           40           45
Asp Asp Val Glu Val Leu Thr Leu Lys Lys Phe Lys Gly Asp Leu Ala
 50           55           60
Tyr Arg Arg Gln Glu Tyr Gln Lys Ala Leu Gln Glu Tyr Ser Ser Ile
 65           70           75           80
Ser Glu Lys Leu Ser Ser Thr Asn Phe Ala Met Lys Arg Asp Val Gln
 85           90           95
Glu Gly Gln Ala Arg Cys Leu Ala His Leu Gly Arg His Met Glu Ala
100           105           110
Leu Glu Ile Ala Ala Asn Leu Glu Asn Lys Ala Thr Asn Thr Asp His
115           120           125
Leu Thr Thr Val Leu Tyr Leu Gln Leu Ala Ile Cys Ser Ser Leu Gln
130           135           140
Asn Leu Glu Lys Thr Ile Phe Cys Leu Gln Lys Leu Ile Ser Leu His
145           150           155           160

```

137/175

Pro Phe Asn Pro Trp Asn Trp Gly Lys Leu Ala Glu Ala Tyr Leu Asn
 165 170 175
 Leu Gly Pro Ala Leu Ser Ala Ala Leu Ala Ser Ser Gln Lys His
 180 185 190
 Ser Phe Thr Ser Ser Asp Lys Thr Ile Lys Ser Phe Phe Pro His Ser
 195 200 205
 Gly Lys Asp Cys Leu Leu Cys Phe Pro Glu Thr Leu Pro Glu Ser Ser
 210 215 220
 Leu Phe Ser Val Glu Ala Asn Ser Ser Asn Ser Gln Lys Asn Glu Lys
 225 230 235 240
 Ala Leu Thr Asn Ile Gln Asn Cys Met Ala Glu Lys Arg Glu Thr Val
 245 250 255
 Leu Ile Glu Thr Gln Leu Lys Ala Cys Ala Ser Phe Ile Arg Thr Arg
 260 265 270
 Leu Leu Leu Gln Phe Thr Gln Pro Gln Gln Thr Ser Phe Ala Leu Glu
 275 280 285
 Arg Asn Leu Arg Thr Gln Gln Glu Ile Glu Asp Lys Met Lys Gly Phe
 290 295 300
 Ser Phe Lys Glu Asp Thr Leu Leu Leu Ile Ala Glu Val Met Gly Glu
 305 310 315 320
 Asp Ile Pro Glu Lys Ile Lys Asp Glu Val His Pro Glu Val Lys Cys
 325 330 335
 Val Gly Ser Val Ala Leu Thr Ala Leu Val Thr Val Ser Ser Glu Glu
 340 345 350
 Phe Glu Asp Lys Trp Phe Arg Lys Ile Lys Asp His Phe Cys Pro Phe
 355 360 365
 Glu Asn Gln Phe His Thr Glu Ile Gln Ile Leu Ala
 370 375 380

<210> 117

<211> 1836

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (283).. (732)

<400> 117

cacttaacac actcttgatg acatatggca ggttcttggt attgacaccc gtgtggotgc 60
 aggtggcatg aatcatgcat ggcttgtctg gatctgtctt ctgcagagcc cattctctct 120
 gtcttttgct agtctggact ggagagcaac ttccctgagt caggactctt gctgctaatt 180
 gcagaaaacc agcagtctct gtgaagtgt ggtgtttcca gagttcagct gtaaaatata 240
 gaatctctcat taattgtatt tacaactata ttgagcaaac caatgttggt ctttattaat 300
 gtacagacca aaaaagacac ctcaaaagaa aggacgtacg cgtttcttgt aaacacgagg 360
 caccocaaga taagaagaca gatagagcaa gggatggaca tggtcacatc ctcagtgatt 420
 ggagaaagtt accggcttca gtttgatttt caagaggcag tgaagaattt cttcccccca 480

138/175

```

ggaaatgaag tggtaaatgg agaaaattta agctttgcat atgaattcaa agctgatgca 540
ttatttgatt tcttctattg gtttgggctc agtaattccg ttgtaaaagt aaatggaaaa 600
gttcttttag gttcaataga tgatgttttt aactgcaatc tgtcaccagc atcatctctg 660
acagagccto ttttggcaga attaccattt ccaagtgttc tggaatctga agagacaccc 720
aaccaattta tctgattgaa ctgaacattg tagcagttgc tccgcactc caggcctgtg 780
ctagactata ggctgggggg agggtaggag gtgggaggca gatacttcca cctgcgtgtc 840
aatctcoggc tctccatgg cttctatgga ggaactcctc cttctgcttc tgtggatgtg 900
atgccttggo agggccaggg cagctgattc ccctaaaact tatgattacc aggatggaaa 960
ggccttggtc ccatggcact gggtagggct gggggatatt ctctactttg aacacttctc 1020
ccaagaggca gaagggccac agagttctgc caccctgaac atttttctca gttccctggg 1080
agtttttggt gcagccttg tgggagtggt ctgactggct gttagactag catgcttcat 1140
aaatcagggt ttggccctct gcttgaggca tccaaccctc tgaactcaa cctgtcgagc 1200
aaggggttaa gagttctgtt ctcttgccaa cctggctggg caaaagcctg tgccatcttt 1260
cactgggagg caaatatgtt ttcatcctg ccatatgaca cctatgagaa acgttcacag 1320
tgaggagtag ccaggttgct aggacagtaa ccctgccaca cactgcctga aatcggaact 1380
cccttggoct ccctcttaac taagtaccc atgtagaagg aagccaggag atatggtacc 1440
gaacaatgac aggggaaggg tattggacac ggcagcgtcc tccttattga aaacacatta 1500
tgtcagttgg gaattttaaa taagctttta gcaaacctaa cactaaaagc aaaatagaag 1560
aaagctatac cattaccata atacattttt catctcatgg ctacaatgga attcttgaaa 1620
agggaaaaaa aatcctatct acatataaaa acctgcatga atgaatcact acatagctt 1680
ataatgagga agagttatgg gtctgagtg taatttttta tcctttctta aaaagtttct 1740
gtattatgca ttttgataac actactgatg atccttcac ttacatttga aatgttatgt 1800
accacattg cacaattaaa acttttctta gcattc 1836

```

<210> 118

<211> 150

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 118

```

Met Leu Phe Phe Ile Asn Val Gln Thr Lys Lys Asp Thr Ser Lys Glu
1      5      10      15
Arg Thr Tyr Ala Phe Leu Val Asn Thr Arg His Pro Lys Ile Arg Arg
20     25     30
Gln Ile Glu Gln Gly Met Asp Met Val Ile Ser Ser Val Ile Gly Glu
35     40     45
Ser Tyr Arg Leu Gln Phe Asp Phe Gln Glu Ala Val Lys Asn Phe Phe
50     55     60
Pro Pro Gly Asn Glu Val Val Asn Gly Glu Asn Leu Ser Phe Ala Tyr
65     70     75     80
Glu Phe Lys Ala Asp Ala Leu Phe Asp Phe Tyr Trp Phe Gly Leu
85     90     95
Ser Asn Ser Val Val Lys Val Asn Gly Lys Val Leu Leu Gly Ser Ile
100    105    110
Asp Asp Val Phe Asn Cys Asn Leu Ser Pro Arg Ser Ser Leu Thr Glu
115    120    125
Pro Leu Leu Ala Glu Leu Pro Phe Pro Ser Val Leu Glu Ser Glu Glu

```

139/175

130 135 140
 Thr Pro Asn Gln Phe Ile
 145 150

<210> 119
 <211> 1863
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (460).. (1233)

<400> 119

```

accctcggcg cgccgcggcg gatcagcgtc ctccagccgc gctgccccgg cccaccgtgc 60
agctgtagcc gggcgcggtt ggcgcggttg cgcagggcgc tgcgtggcgg cccattgttg 120
agcgcggttg gccccgcggc cgaatgccgc cgcgcctcc tcggagcggc gccgaagttt 180
gaacttggcg tcggcctgga gccccgagca gccccggggc ggccggccgc aggcgagcgg 240
cgatgagatg tgtgcacaga cccaggccat gcagatactg gtgcctctaa cttcgtcagc 300
ccttagaaca tgacttgctg tccccagtgg agaagaaacc agaagctaca gccaaagtatg 360
tccccccaa agtccatttc ttttcagtgc ctgaaaatga ggaggatgcc tccctgaaga 420
gacatctcac acctcccca ggcaacagcc cacaatccaa tgagagaaag agcaccccca 480
cctcctccac cgagtcagga aaccccgttg tatagcatgg atgacttccc tccacctcct 540
ccccacactg tatgtgaggc gcagctggac agtgaggatc ccgagggggc acgccccagc 600
ttcaacaaac tttctaaagt gacaattgca agggaaaggo acatgcctgg tgcagcccat 660
gtggtaggta gtcagacact ggcttccaga ctccaaactt ctatcaaggg ttcagaggct 720
gagtcacac caccctcctt catgagcgtt cagcccaac ttgctgggtc tcttgggtgg 780
cagccagcac ccatccagac tcaaagcctc agccatgatc cagtcagtgg aactcagggt 840
ttagaaaaga aagtcagtcc tgatcctcag aagagttcag aagacatcag aacagaggct 900
ttggccaagg aaattgtcca ccaagacaaa totctagcag acattttgga tccagactcc 960
aggctgaaga caacaatgga cctgatggaa ggtttatttc cccgagatgt gaacttgcgt 1020
aaggaaaaca gtgtaaagag gaaggccata cagagaactg tcagctcttc aggatgtgaa 1080
ggcaagagga atgaagacaa ggaagcagtg agcatgttg ttaactgccc toagatttca 1140
ttcccaaggc tggggccctg gctctgcccc caaacctcac gagttagccc attcctgctg 1200
ggggtgtac tttcagtggg attttcccaa cattaacctc tccactttaa cctcttctaa 1260
aatacccaac caaaagatca ctgtttctct caaactatt taatctgaaa aatgtttcag 1320
tacaaccac tgtttgaact atctgggtta ttgtgtttg ttctgatga aaggaaaaaa 1380
aattctctcc aggaggaagc ctttttctct cttgcccttc ctgattgatc ttctgagagc 1440
tcgaatgctg ctggacacgt acccctttct attattactt tgtagtagaa agaaagttaa 1500
tgaaactgag aactgattgg aggggtgttg atcatttagt ttttaacagg ctgaggcaac 1560
atggatcagt gtgtgtcccc ctccaggaatg tatccacagt ggccttctct gctggtgggc 1620
agtgtatcct gatggcaggg tacaagtacc attaatgaag ggtctgcaac ataaagcctt 1680
aaaaagacac aactaagaa aactgtaaaa ccttgaacat tgtattttat attttttaaa 1740
atggaaaaga tcactatgtt tgttgtgcta accacttatt tgattctgtt ttgtggtgga 1800
catagatgat tacgtttgag ctttgtattt tgtgaaaacc ttaatgaaat gaattccaaa 1860
gat 1863

```

140/175

<210> 120
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 120

```

Met Arg Glu Arg Ala Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ser Gln Glu Thr Pro
 1           5           10           15
Val Tyr Ser Met Asp Asp Phe Pro Pro Pro Pro His Thr Val Cys
          20           25           30
Glu Ala Gln Leu Asp Ser Glu Asp Pro Glu Gly Pro Arg Pro Ser Phe
          35           40           45
Asn Lys Leu Ser Lys Val Thr Ile Ala Arg Glu Arg His Met Pro Gly
          50           55           60
Ala Ala His Val Val Gly Ser Gln Thr Leu Ala Ser Arg Leu Gln Thr
          65           70           75           80
Ser Ile Lys Gly Ser Glu Ala Glu Ser Thr Pro Pro Ser Phe Met Ser
          85           90           95
Val His Ala Gln Leu Ala Gly Ser Leu Gly Gly Gln Pro Ala Pro Ile
          100          105          110
Gln Thr Gln Ser Leu Ser His Asp Pro Val Ser Gly Thr Gln Gly Leu
          115          120          125
Glu Lys Lys Val Ser Pro Asp Pro Gln Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg
          130          135          140
Thr Glu Ala Leu Ala Lys Glu Ile Val His Gln Asp Lys Ser Leu Ala
          145          150          155          160
Asp Ile Leu Asp Pro Asp Ser Arg Leu Lys Thr Thr Met Asp Leu Met
          165          170          175
Glu Gly Leu Phe Pro Arg Asp Val Asn Leu Leu Lys Glu Asn Ser Val
          180          185          190
Lys Arg Lys Ala Ile Gln Arg Thr Val Ser Ser Ser Gly Cys Glu Gly
          195          200          205
Lys Arg Asn Glu Asp Lys Glu Ala Val Ser Met Leu Val Asn Cys Pro
          210          215          220
Gln Ile Ser Phe Pro Arg Leu Gly Pro Trp Leu Cys Pro Gln Thr Ser
          225          230          235          240
Arg Val Ser Pro Phe Leu Leu Gly Ala Val Leu Ser Val Val Phe Ser
          245          250          255
Gln His

```

<210> 121
 <211> 2203
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

141/175

<220>

<221> CDS

<222> (91).. (564)

<400> 121

```
gttgtctttc tgtctcgggt gaggcagcca tttttctctt gccgcgtgct ggtgttgag 60
gacctccct gottcagatt taccaacagc atgaatcaag aaaagttagc aaaacttcag 120
gctcaggctc ggataggggg caagggtaca gctcgcagaa agaagaaggt ggtacataga 180
acagccacag ctgatgacaa aaagcttcag agttctctaa aaaaactggc tgtgaataat 240
atagctggtt ttgaagaggt gaacatgatt aaagatgatg ggacagttat tcatttcaac 300
aatcccaaag tccaagcttc cttttctgct aatacctttg caattactgg tcatgcagaa 360
gccccaaaca tcacagaaat gottcctgga atattaagtc agotttggtc tgacagttaa 420
acaagcctta ggaagttagc tgaacagttc ccacggcaag tcttgacag taaagcacca 480
aaaccagagg acattgatga ggaagatgat gatgttccag atctttaga aaattttgat 540
gaggcatcaa agaatgaagc taactaaaag ttgtgttttt ggaagctggc atggactaga 600
tttaacaaat cagctatgtg gttccaaagt ttacagaca tggagaacat cacctgttac 660
tagttcagta atataaatat ttgtatatt aataatgctg ttgttcagc atttttcggg 720
catttgattt tgcattttgc acttctctcc aggatatttt ttgtgtcaaa atatgaagta 780
ttgtgtcagt ttgaggtgtt ttgtgttttt gattcctggt tttttgttt ttgtttggg 840
gtatttttgg tgtatgtatg tttatgtatg tgtgtgggta tgtgtgtata cagtggagag 900
caaattggaa aacagttcta tttatcctcc tccctcccca gtagaaataa aaaaaatott 960
tacatttgtt acttttcttt tcccccgta agacacagaa ttaatggaaa gtgagtatct 1020
tggatttcaa atctgaagag atttttacca ttagtggttt gattttaatt tgccttggtta 1080
actatcatat ttttcataca cttctctgga tttaaaatat cttgaggtat ttgtccactg 1140
gottcatgct ggagtaatgg gtaacatato ttgtgtatgg ttgcottaga ttaacttacc 1200
tagtcagacc cagaagaact tcttttacta gottgcttcc taaatgcctt ttttctctc 1260
cttttggtot ccaaatggcc tggtcagctt ttgttaatat tcttctcat cttccacct 1320
gottgagaag gatgttctcc atatagagtt tagcgagtgc ctaatccctc cttttgtaag 1380
attttgttcc ctcagcttga ggaacaactt catcttcaac tttttatttc tccctgatgt 1440
tacagtttgg tagatttcaa actggaatag ctagcatgtg cttgctaaat aattttatgc 1500
cagccttato ctgtatccta gotgttctta acagcaggta caaaaatgcc tgtttttcag 1560
caaggttgaa attgggaatg tctttttgaa tcagaagaaa ataggccata gactcatctc 1620
ccagcacaaa tgggcattct atgaaatggg actggcccta ggaggatttc ctcaaccact 1680
ctcctactot tggccttgaa cctacctctg ggttgatct tactattgta gctgctcact 1740
ataccctcct gcatgcttag aataatgctt tgaggggagc actggtaaaa cacagtattt 1800
atttttttac ctcctttaag aggacttgga ggtaagttgc attcattcac tcaagtttcc 1860
ctcttgctgt ctaatagaag cttacttttt gctatatcag catttggtac agccaatatt 1920
taaggacaaa atttagaaaa tatatcattt cctggcccat catcaaaacta atacagotta 1980
accttgagc taccaatttt tgtgtcaagc tagatatctt tatttgatat ctaaggtgca 2040
agaccaacaa tatattaaga gatctgtaga catgaaggca aagctcttgt atttttttc 2100
atccaaacac ctcaatttat ttataaatt cgttcatttt tctgttatg ttttatataa 2160
tatatggact aaacaaaata aaataacagt gcaaaagaga aac 2203
```

<210> 122

<211> 158

<212> PRT

<213> Homo sapiens

142/175

<400> 122

Met Asn Gln Glu Lys Leu Ala Lys Leu Gln Ala Gln Val Arg Ile Gly
 1 5 10 15
 Gly Lys Gly Thr Ala Arg Arg Lys Lys Val Val His Arg Thr Ala
 20 25 30
 Thr Ala Asp Asp Lys Lys Leu Gln Ser Ser Leu Lys Lys Leu Ala Val
 35 40 45
 Asn Asn Ile Ala Gly Ile Glu Glu Val Asn Met Ile Lys Asp Asp Gly
 50 55 60
 Thr Val Ile His Phe Asn Asn Pro Lys Val Gln Ala Ser Leu Ser Ala
 65 70 75 80
 Asn Thr Phe Ala Ile Thr Gly His Ala Glu Ala Lys Pro Ile Thr Glu
 85 90 95
 Met Leu Pro Gly Ile Leu Ser Gln Leu Gly Ala Asp Ser Leu Thr Ser
 100 105 110
 Leu Arg Lys Leu Ala Glu Gln Phe Pro Arg Gln Val Leu Asp Ser Lys
 115 120 125
 Ala Pro Lys Pro Glu Asp Ile Asp Glu Glu Asp Asp Val Pro Asp
 130 135 140
 Leu Val Glu Asn Phe Asp Glu Ala Ser Lys Asn Glu Ala Asn
 145 150 155

<210> 123

<211> 1696

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (62).. (898)

<400> 123

actgcggtgt ggactcgagg gctgggcgcg gggccgggogc agaagccggc agctggagac 60
 gatggtggac cacttggcca acacggagat caacagccag cgcacgcggc cagtggagag 120
 ctgcttcggg gcctcggggc agccgctggc gctgccaggc cgagtgtgc tgggcgaggg 180
 cgigctgacc aaagagtgc gcaagaaggo caagcogogo atcctcttcc tctttaacga 240
 catcctggtg tatggcagca tcgtgctcaa caagcgcaag taccgcagcc agcacatcat 300
 ccccttgag gaggtcacac tggagctgtt gccggagacg ctgcaggcca agaaccgtg 360
 gatgatcaag acggccaaga agtccttigt ggtgtcggcc gcctccgcta cggagcgcca 420
 ggaatggatt agccacatcg aggagtgogt cggcgggcaa ctgagggcca cgggcggccc 480
 gccagcacg gagcacgagg caccctggat ccccgacaag gccacggaca tctgcatgcg 540
 ctgcacgcag acgcgttct ctgccctcac gaggcgccac cactgccgca agtgoggctt 600
 cgtggtctgc gctgagtgt cgcccgagcg cttcctgtct ccgcgcctgt cccccaagcc 660
 cgtgcgcgtc tgcagcctct gctaccgoga actggccgcc cagcagcggc aggaggaggc 720
 ggaggagcag ggccgggggt ccccagggca gccagccac ctggcccggc ccatctgcgg 780
 agcgtccagt ggagatgaag atgactccga caggagacaag gagggcagca gggacggcga 840

143/175

```

ctggcccagc agcgtggagt tctacgcctc gggggtggcc tggctgcct tccacagctg 900
acccccggcc tgcagaacat ctgtcccaa gccagctcca ctgcccaggc ccctaagagg 960
gcagctccag aagctgcca gggctccggg acccatccc atgggtggcag gtgcagcggt 1020
ggggagtggc tctttctgga ctcccagtc ctttttgctg gacactgtgt cttatggct 1080
tcaactgcagg taatgcctt ccttcagga agcccagaa caccacaggt tcttggtaac 1140
aaacgccacc ttacactctg caggctgcag cggcagctcc agatggcctc ctgagctgga 1200
cgaccccagg tctccagaca tctagggacc agagcagggt tgggaacaca gagggaagac 1260
aggatgggag tgtagccaca gaaccacot gcacctgac aggcacaccc cactgaagag 1320
cctgagtccc aggaggcctc ctggaagccc aggaactgcc acccaccacg ctggtgcccc 1380
ccgcctggcc agccaagccc tgcgatcag acatgtgggc tccccgaagc ccagccagag 1440
actgccgtgc tgtgggtgcc accaggccca gggactgcag cctgagctcc ccgaggccca 1500
gggcagccgg gtgaggactc tgtctgtgt cactctctc cagggtgtcc gctgtctcat 1560
gctttttgt cctgtctca gctctccgtg tggtcagca aaccattgtt tctgttagg 1620
actcagttgc aagaacagaa accctgcccc cacttaataa taaaaaagaa agtttattga 1680
tgggtggtg caaaac                                     1696

```

<210> 124

<211> 279

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 124

```

Met Val Asp His Leu Ala Asn Thr Glu Ile Asn Ser Gln Arg Ile Ala
  1           5           10          15
Ala Val Glu Ser Cys Phe Gly Ala Ser Gly Gln Pro Leu Ala Leu Pro
      20           25           30
Gly Arg Val Leu Leu Gly Glu Gly Val Leu Thr Lys Glu Cys Arg Lys
      35           40           45
Lys Ala Lys Pro Arg Ile Leu Phe Leu Phe Asn Asp Ile Leu Val Tyr
      50           55           60
Gly Ser Ile Val Leu Asn Lys Arg Lys Tyr Arg Ser Gln His Ile Ile
      65           70           75           80
Pro Leu Glu Glu Val Thr Leu Glu Leu Leu Pro Glu Thr Leu Gln Ala
      85           90           95
Lys Asn Arg Trp Met Ile Lys Thr Ala Lys Lys Ser Phe Val Val Ser
      100          105          110
Ala Ala Ser Ala Thr Glu Arg Gln Glu Trp Ile Ser His Ile Glu Glu
      115          120          125
Cys Val Arg Arg Gln Leu Arg Ala Thr Gly Arg Pro Pro Ser Thr Glu
      130          135          140
His Ala Ala Pro Trp Ile Pro Asp Lys Ala Thr Asp Ile Cys Met Arg
      145          150          155          160
Cys Thr Gln Thr Arg Phe Ser Ala Leu Thr Arg Arg His His Cys Arg
      165          170          175
Lys Cys Gly Phe Val Val Cys Ala Glu Cys Ser Arg Gln Arg Phe Leu
      180          185          190
Leu Pro Arg Leu Ser Pro Lys Pro Val Arg Val Cys Ser Leu Cys Tyr

```

144/175

195	200	205
Arg Glu Leu Ala Ala Gln Gln Arg Gln Glu Glu Ala Glu Gln Gly		
210	215	220
Ala Gly Ser Pro Gly Gln Pro Ala His Leu Ala Arg Pro Ile Cys Gly		
225	230	235
Ala Ser Ser Gly Asp Asp Asp Ser Asp Glu Asp Lys Glu Gly Ser		
245	250	255
Arg Asp Gly Asp Trp Pro Ser Ser Val Glu Phe Tyr Ala Ser Gly Val		
260	265	270
Ala Trp Ser Ala Phe His Ser		
275		

<210> 125

<211> 3078

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1668).. (2561)

<400> 125

```

atgataaaga tgcagtacct ttctcttaaa aaaaaatgct atggaaagct gtgagaattg 60
aagagacaaa ttggotgtgt cagtgtgggg ttatgtcatg attctagaa gccctgaagt 120
tgctcttttg agcagctttg catgacacgc tctggtaaaa ggtgtgcato tttaaattat 180
ttcatggata ctttgaaaaa tattgtatca cttcaaatac agcaataagt ttatatgttc 240
tcaagatttc atttgttttt aagaatttta agttcgtgga ttaatatcac tacttgaata 300
ctgacagtgg ttgattagac accgaaaggt tactgattgt tgaatgtatc tgtgttagag 360
ctgtgcactg gcacgcttgc atcaggggct ggggccacac ggccgccaca cagattcccc 420
cgtgatgoot ggagctgott ccagagccgg gtgtctcaa gaggcacctg taggacttcc 480
catttagaaa tctcttgagt gggtttgtat gttacottot ccaaggttta tttagaacag 540
agatattgct ggaaggtcat gggtcagatt ccctcacaa ccactctgtc tgcgggtgca 600
gccccactcc aaggctcccc gttattgggg tatgtgagga gcagtaaata taaaaccagt 660
tcaactgtcc tcatggaatc accctttctg tttttgcagt attcataaag ctagtgtaa 720
gtctgttttt agtctattaa atcttagaga totaaaggaa atgctaaaaa ttagccagg 780
ttttaaatgc ttttaacttt aaaaaatgta aatttttgta tgtttatagc ttctaaatat 840
gaaagttaaa gaatgtactg tgatgaaatg ttcagtatta tttgtttct cagtatcatg 900
ttgtcttcoa gtattgtgtt gottctgatt ctatgaatgt tcattttaag acccttgtt 960
gaaatgggac agttggcagc ggctctgatg agcccgagaa gaggootgcc cttgggtgog 1020
gagtctccct ccgcacgatg ctcccacgog tccaacttgc acccaagggg ctttccctc 1080
ttccaagtgg actccttcaa ggaagctgca gotcgtcag cagagaaggg gctgccgcc 1140
agcgccttgg aggaagagga agaggaaccc aagaggatgg cttgtotccc agcagccaca 1200
ccggctttgt gctcagccag ttcatgtgag ttgtcatgtt tctotgcact atggattttg 1260
agcatttaga tttctttaat caaaagcgtt ttagtgactc cagtagacat tttctttctg 1320
aggcatcgtg ctttgcatga gaggaggcca aggttgaggg gaaaagtaaa gttaaagtcg 1380
gttctcttcc atagcaacac gtattgtotg acattcagcc agcttttttt ttttctaata 1440
atttctgtgc ctttctgtcc cgtatttact gtatttagaa aaagcagcta gaatatttct 1500

```

145/175

```

ccattaactc ttgagattca caggactgtc tagctctgag tcttagcaat agactcotta 1560
gaggagtagt acgtttatct agattttctc tagataatgc aggcggaaga cctgggttcc 1620
oggggtgggc attgcagttc ttctgtgtt tggcttccag gaattacatg aacgacagcc 1680
ttcgcacoga cgtcttcgtg cggttccagc cagagagcat cgcctgtgcc tgcatttato 1740
ttgtgcccgc gacgtggag atccctttgc ccaatcgtcc ccattggttt cttttgtttg 1800
gagcaactga agaagaaatt caggaaatct gcttaaagat cttgcagctt tatgotcgga 1860
aaaaggttga tctcacacac ctggagggtg aagtggaaaa aagaaagcac gctatogaag 1920
aggcaaaggc ccaagcccg ggcctgttgc ctgggggcac acagggtgctg gatggtacct 1980
cggggttcto tctgcccccc aagctggtgg aatcccccac agaaggtaaa gggagcaagc 2040
cttccccact gtctgtgaag aacaccaaga ggaggctgga gggcgccaag aaagccaagg 2100
cggacagccc cgtgaacggc ttgcccagg ggcgagagag tcggagtogg agccggagcc 2160
gtgagcagag ctactcgagg tccccatccc gatcagcgtc tctaagagg aggaaaagtg 2220
acagcggcto cacatotggt gggccaagt cgcagagccg ctcccgagc aggagtgact 2280
ccccaccgag acaggcccc cgcagcgtc cctacaaagg ctctgagatt cggggtctcc 2340
ggaagtccaa ggactgcaag tacccccaga agccacacaa gtctcgagc cggagttctt 2400
cccgttctcg aagcaggtca cgggagcggg cggataatcc gggaaaatac aagaagaaaa 2460
gtcattacta cagagatcag cgaagagagc gctcgaggtc gtatgaacgc acaggccgtc 2520
gotatgagcg ggaccacct gggcacagca ggcatcggag gtgagcggg gttgcagtga 2580
ctggtggcgc caagcccttc cctggggagt acctgatggc tgcccttga ccccggtg 2640
ctgccccttg accccgggt gtgtctcag cgcaagtgtt cctagaacag gattcttttt 2700
ggaaatgtct gtcgactgga ccttggtgga tttggaaatg gaactgagg accggtgaca 2760
cgtgcttcag accggtctg ggtgcggcgc acacctgggc ccgtgcagg ctcagctogg 2820
cagcagctct gagggcagct caatgaaaaa gtgaatgcac accccottgt tggcgtggcc 2880
tggcatggcc tgggtctato ggcagccgt ctcactccc cgaactgataa ttacgtgaag 2940
ccaagaaaga tgatttttag aacctttgcc tatattaggt tgtacttatg tacatatatt 3000
gcagtgttto acaggagaaa gtggccttaa ctgcccctta ttctctctcc aogttgtaaa 3060
taaacatgtg ttttaatac 3078

```

<210> 126

<211> 298

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 126

```

Met Asn Asp Ser Leu Arg Thr Asp Val Phe Val Arg Phe Gln Pro Glu
 1           5           10           15
Ser Ile Ala Cys Ala Cys Ile Tyr Leu Ala Ala Arg Thr Leu Glu Ile
          20           25           30
Pro Leu Pro Asn Arg Pro His Trp Phe Leu Leu Phe Gly Ala Thr Glu
          35           40           45
Glu Glu Ile Gln Glu Ile Cys Leu Lys Ile Leu Gln Leu Tyr Ala Arg
          50           55           60
Lys Lys Val Asp Leu Thr His Leu Glu Gly Glu Val Glu Lys Arg Lys
          65           70           75           80
His Ala Ile Glu Glu Ala Lys Ala Gln Ala Arg Gly Leu Leu Pro Gly
          85           90           95
Gly Thr Gln Val Leu Asp Gly Thr Ser Gly Phe Ser Pro Ala Pro Lys

```

100										105					110				
Leu	Val	Glu	Ser	Pro	Lys	Glu	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Pro	Ser	Pro	Leu				
115										120					125				
Ser	Val	Lys	Asn	Thr	Lys	Arg	Arg	Leu	Glu	Gly	Ala	Lys	Lys	Ala	Lys				
130										135					140				
Ala	Asp	Ser	Pro	Val	Asn	Gly	Leu	Pro	Lys	Gly	Arg	Glu	Ser	Arg	Ser				
145										150					155				
Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Glu	Gln	Ser	Tyr	Ser	Arg	Ser	Pro	Ser	Arg	Ser				
165										170					175				
Ala	Ser	Pro	Lys	Arg	Arg	Lys	Ser	Asp	Ser	Gly	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly				
180										185					190				
Ser	Lys	Ser	Gln	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Asp	Ser	Pro	Pro	Arg				
195										200					205				
Gln	Ala	Pro	Arg	Ser	Ala	Pro	Tyr	Lys	Gly	Ser	Glu	Ile	Arg	Gly	Ser				
210										215					220				
Arg	Lys	Ser	Lys	Asp	Cys	Lys	Tyr	Pro	Gln	Lys	Pro	His	Lys	Ser	Arg				
225										230					235				
Ser	Arg	Ser	Ser	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Glu	Arg	Ala	Asp				
245										250					255				
Asn	Pro	Gly	Lys	Tyr	Lys	Lys	Lys	Ser	His	Tyr	Tyr	Arg	Asp	Gln	Arg				
260										265					270				
Arg	Glu	Arg	Ser	Arg	Ser	Tyr	Glu	Arg	Thr	Gly	Arg	Arg	Tyr	Glu	Arg				
275										280					285				
Asp	His	Pro	Gly	His	Ser	Arg	His	Arg	Arg										
290										295									

<210> 127
 <211> 1844
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (401)..(1456)

<400> 127

agagtcgggt	agacggcagc	gggagcgtg	gcgtctcccc	gccttccto	cotccogggc	60
ctggggcgcc	agccggacag	gtgagcggca	gccaggtgag	cgcgccacc	tgcgcctctc	120
cgcgcggccc	gcccctccc	gogccgggct	ccctctccgc	cccctgtcgg	cgcggaaccc	180
tggcctcgtc	cgcggcccag	ctccctggag	ccctgcacac	gcggggcgcc	ccccgcgagc	240
tgcgctctcc	ccggccggag	cgctcctcct	ccagccccc	gcccgcagg	tactttgccc	300
tggagcgaa	ggaggctcca	gaactggtag	agccggggca	tcgggctggg	cacctccccg	360
cggcgccgc	agcgcggagt	ccactgaccg	gctcaaaggt	atggcgttga	cgggtggatgt	420
ggccggggca	gcgccctggg	gcttccttat	cacagggggc	agggatttcc	acacgcccac	480
catggtgact	aaggtggccg	agcggggcaa	agccaaggac	gctgacctcc	ggcctggaga	540
cataatcgtg	gccatcaacg	gggaaagcgc	ggagggcatg	ctgcatccg	aggcccagag	600
caagatccgc	cagagcccct	cgcccttgcg	gctgcagctg	gaccggtctc	aggctaagtc	660

147/175

```

tccagggcag accaatgggg acagctcctt ggaagtgtg gcgactcgt tccagggctc 720
cgtgaggaca tacactgaga gtcagtcctc cttaaggctc tcctactoca gcccacctc 780
cctcagcccg agggcoggca gccccttctc accaccacc tctagcagct cctcactgg 840
agaggoggcc atcagccgca gottccagag tctggcatgt tccccgggc tccccgctgc 900
tgaccgcctg tcctactcag gccgcccctg aagccgacag gccggcctcg gccgcgctgg 960
cgactcggcg gtgtgtgtgc tgccgccttc cccggggcct cgttcctoca ggcccagcat 1020
ggactcggaa gggggaagcc tcctcctgga cgaggactcg gaagtcttca agatgtgtca 1080
ggaaaatcgc gagggacggg cggccccccg acagtccagc tcctttcggc tcttgagga 1140
agccctggag gctgaggaga gaggtggcac gccagccttc ttgcccagct cactgagccc 1200
ccagtccctc ctgcccgcct ccaggggcct ggccaccctt cccaagctcc acacttgtga 1260
gaagtgcagt accagcatcg ogaaccaggc tgtgcgcato caggagggcc ggtaccgcca 1320
cccoggctgc tacacctgtg ccgactgttg gctgaacctg aagatgcgcg ggcacttctg 1380
ggtgggtgac gagctgtact gtgagaagca tgcccgccag cgctactccg cacctgccac 1440
cctcagctct cgggcctgag ccggccatgc cctcagcctg cctcactgtt gggccagggt 1500
catgcctata taagtgggca tggcagggac aatggtgggc agttgctott acatgagcta 1560
agtttgagga cctgaggccc ctttgtcctc gctgggtggg ccaaggtctg ggacctgtot 1620
tggactgttg gagactcacc ctcaccttgc caggcctctc cctgcagga ctggcattgc 1680
actagtctga ggtggccact gcctttgatc aacctttgtg tgcgagggtc taagtagggt 1740
cgaacacaga agtggaagg agaggggtgg gccaggggct aatggtgtca ctgtgtaaag 1800
ttttgacat actagctcta taaatatatg aatatggaca aaat 1844

```

<210> 128

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 128

```

Met Ala Leu Thr Val Asp Val Ala Gly Pro Ala Pro Trp Gly Phe Arg
 1           5           10          15
Ile Thr Gly Gly Arg Asp Phe His Thr Pro Ile Met Val Thr Lys Val
      20           25           30
Ala Glu Arg Gly Lys Ala Lys Asp Ala Asp Leu Arg Pro Gly Asp Ile
      35           40           45
Ile Val Ala Ile Asn Gly Glu Ser Ala Glu Gly Met Leu His Ala Glu
      50           55           60
Ala Gln Ser Lys Ile Arg Gln Ser Pro Ser Pro Leu Arg Leu Gln Leu
      65           70           75           80
Asp Arg Ser Gln Ala Thr Ser Pro Gly Gln Thr Asn Gly Asp Ser Ser
      85           90           95
Leu Glu Val Leu Ala Thr Arg Phe Gln Gly Ser Val Arg Thr Tyr Thr
      100          105          110
Glu Ser Gln Ser Ser Leu Arg Ser Ser Tyr Ser Ser Pro Thr Ser Leu
      115          120          125
Ser Pro Arg Ala Gly Ser Pro Phe Ser Pro Pro Pro Ser Ser Ser Ser
      130          135          140
Leu Thr Gly Glu Ala Ala II Ser Arg Ser Phe Gln Ser Leu Ala Cys
      145          150          155          160

```

148/175

Ser Pro Gly Leu Pro Ala Ala Asp Arg Leu Ser Tyr Ser Gly Arg Pro
 165 170 175
 Gly Ser Arg Gln Ala Gly Leu Gly Arg Ala Gly Asp Ser Ala Val Leu
 180 185 190
 Val Leu Pro Pro Ser Pro Gly Pro Arg Ser Ser Arg Pro Ser Met Asp
 195 200 205
 Ser Glu Gly Gly Ser Leu Leu Asp Glu Asp Ser Glu Val Phe Lys
 210 215 220
 Met Leu Gln Glu Asn Arg Glu Gly Arg Ala Ala Pro Arg Gln Ser Ser
 225 230 235 240
 Ser Phe Arg Leu Leu Gln Glu Ala Leu Glu Ala Glu Glu Arg Gly Gly
 245 250 255
 Thr Pro Ala Phe Leu Pro Ser Ser Leu Ser Pro Gln Ser Ser Leu Pro
 260 265 270
 Ala Ser Arg Ala Leu Ala Thr Pro Lys Leu His Thr Cys Glu Lys
 275 280 285
 Cys Ser Thr Ser Ile Ala Asn Gln Ala Val Arg Ile Gln Glu Gly Arg
 290 295 300
 Tyr Arg His Pro Gly Cys Tyr Thr Cys Ala Asp Cys Gly Leu Asn Leu
 305 310 315 320
 Lys Met Arg Gly His Phe Trp Val Gly Asp Glu Leu Tyr Cys Glu Lys
 325 330 335
 His Ala Arg Gln Arg Tyr Ser Ala Pro Ala Thr Leu Ser Ser Arg Ala
 340 345 350

<210> 129

<211> 2356

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 129

atttacaatt gattaaaagt atccatgtct tggatacata cgtatctata gagctggcat 60
 gtaattcttc ctctataaag aataggtata ggaaagactg aataaaaatg gagggatato 120
 ccccttgatt tcacttgcac tgtgcaataa gcaagaagg gttgataaaa gttcttgato 180
 aaaaagttca aagaaaccag aattttagac agcaagctaa ataaatattg taaaattgca 240
 ctatattagg ttaagtatta tttaggtatt ataatatgct ttgtaaattt tatattocaa 300
 atattgctca atatttttca totattaaat taatttctag tgtaaataag tagottotat 360
 atctgtctta gtctattata attgtaagga gtaaaattaa atgaatagtc tgcaggatata 420
 aatttgaaca atgcatagat gatcgaaaat tacggaaaat catagggcag agagggtga 480
 agattcatca ttatgtgaaa ttggatctt tctcaaatcc ttgctgaaat ttaggatggt 540
 tctcactgtt tttctgtgct gatagtacc tttcaaagg gaccttoagg gggattaacc 600
 ttcctagctc aagcaatgag ctaaaaggag ccttatgcat gatcttccca catatcaaaa 660
 taactaaaag goactgagtt tggcattttt ctgctgctc tgctaagacc tttttttttt 720
 tttactttca ttataacata ttatacatga cattatacaa aaatgattaa aatatattaa 780
 aacaacatca acaatccagg atatttttct ataaaacttt ttaaaaataa ttgtatctat 840
 atattcaatt ttacatcctt cttcaaaggc tttgttttcc taaaggcttt gtttctctt 900
 ttattatttt tttctttttt atttttttga gacagtcttg ctctgtcgtc caggctggag 960

149/175

```

tgcagtggca cgatctcage tcaactgcaac ctctctctcc caggttcaag tgattcttgt 1020
tcatcagcct cccgagtagc tgggactaca ggcatgtgcc actatgccc gctaattttt 1080
gtacttttag tagagacagg gtttcaccac attggtcagg ctggtcttga aatgctggcg 1140
tcaagtgate tgcctgcctc ogootcacia agcactggga ttacaggcat gaatctggcc 1200
ttacgtaata tttttcttta atggctgcat aatatcacat caaataggca tttttcaaac 1260
ctctttcctt attaaacatg tagactatat ccatttttta ctaaaataaa taacatttca 1320
gataatatct ttgcaactgat aatgttgcca agccattttt aaagtgcct tatcaattia 1380
attaccattg gatgagggtg ttgotttcat cgcaccattg taaattgtct tttttatttc 1440
aatttgcgtt tttttataac tggttgcaaa ggtacacaga acacacgctc cttcaactta 1500
totttgataa acccaagcaa ggatacaaaa agttggacga cattgagtag agtcatggta 1560
tacggtgctg accctacagt atcagtggaa aagataagga aaatgtcact actcacctat 1620
gttatgcaaa acagtttaggt gtgtggtggc tggatactgc ttttttaact gagcattggt 1680
tgattaaagt ttaggtacca tccaggctgg tctagagaag tctttggagt taaccatgct 1740
ctttttgtta aagaagagag taatgtgttt atcctggctc atagtccgtc accgaaaata 1800
gaaaatgcaa tccataggta aaatgtgac ctatagaaaa aaatgaactc tacttttata 1860
gcctagtaaa aatgctctac ctgagtagtt aaaagcaatt catgaagcct gaagctaaag 1920
agcactctgg tggttttggc ataataagctg catttccaga cctgaccttt ggcccccaacc 1980
acaagtgtc caagccccac cagctgacca aagaaagccc aagttctcct tctgtccttc 2040
ccacaacctc cctgtctcca aaactatgaa attaatitga ccatattaac acagctgact 2100
cotccagttt acttaaggta gaaagaatga gtttacaaca gatgaaaata agtgctttgg 2160
gogaactgta ttctttttta cagatccaaa ctattttaca tttaaaaaaa aagttaaact 2220
aaacttcttt actgtctgata tgtttcctgt attctagaaa aatttttaca ctttcacatt 2280
atttttgtac actttcccca tgtaaggga tgatggcttt tataaatgtg tattcattaa 2340
atgttacttt aaaaat 2356

```

<210> 130

<211> 1731

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (72).. (1373)

<400> 130

```

ttagggcggg agcccggcga gggcgccggt gctttgttct gtctgaggcc aggaagtttg 60
accgcgctgc catgccgaac cgtaaggcca gccggaatgc ttactatttc ttcgtgcagg 120
agaagatccc cgaactaagg cgaagaggcc tgcctgtggo tcggttgot gatgccatcc 180
cttactgctc ctcagactgg gogcttctga gggaggaaga aaaggagaaa taocagaaaa 240
tggctcgaga atggagggcc gctcagggaa aggaccctgg gccctcagag aagcagaaac 300
ctgttttcac accactgagg aggccaggca tgcttgtacc aaagcagaat gtttcacctc 360
cagatatgtc agctttgtct ttaaaagggt atcaagctot ccttggaggo attttttatt 420
ttttgaacat ttttagccat ggogagctac ctctcattg tgaacagcgc ttctctcctt 480
gtgaaatttg ctgtgttaag tattctctcc aagaaggat tatggcagat ttccacagtt 540
ttataaatcc tggtgaaatt ccacgaggat ttcgatttca ttgtcaggct gcaagtgatt 600
ctagtcaaaa gattcctatt tcaaattttg aacgtgggca taaccaagca actgtgttac 660
aaaaccttta tagatttatt catcccaacc cagggaactg gccacctatc tactgcaagt 720

```


150/175

```

ctgatgatag aaccagagtc aactgggtgt tgaagcatat ggcaaaggca tcagaaatca 780
ggcaagatct acaacttctc actgtagagg accttgtagt ggggatctac caacaaaaat 840
ttctcaagga gccctotaag acttggatto gaagcctcct agatgtggcc atgtgggatt 900
attctagcaa cacaagggtc aagtggcatg aagaaaaatga tattctcttc tgtgctttag 960
ctgtttgcaa gaagattgcg tactgcatca gtaattctct ggccactctc ttiggaatcc 1020
agctcacaga ggctcatgta ccaactacaag attatgagga cagcaatagt gtgacacca 1080
aaatgggtgt attggatgca gggcgttacc agaagctaag ggttgggagt tcaggattct 1140
ctcatttcaa ctcttctaag gaggaacaaa gatcaaacac acccatttgt gactacccat 1200
ctagggcaaa aatttctggc caaaacagca gcgttggggg aagaggaatt acccgcttac 1260
tagagagcat ttccaattct tccagcaata tccacaaatt ctccaactgt gacacttca 1320
tctcacotta catgtcccaa aaagatggat acaaatcttt ctcttcttta tottaattgat 1380
gggtactctt tcaatttctg aaaaacagta caggcccaac ttcttcttta ctacagtc 1440
attaaacaga tcacatcaat gacaaatgtc actactataa aaactactta atttgaagg 1500
aaattgttct atagatttaa aaaaattgtg gttggagagc atottggcat ttgtgcttt 1560
tttcttgagg gattgttctg ctctctggct gtatgatggg tatatcatta aagtttggag 1620
tcctatatga acaaaactga cattttttaga gttgtacttt tgggaatgtt atagattgat 1680
cattctttct cctgataata aaggtattga atatctgtta tgaagggttc t 1731

```

<210> 131

<211> 434

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 131

```

Met Pro Asn Arg Lys Ala Ser Arg Asn Ala Tyr Tyr Phe Phe Val Gln
 1           5           10           15
Glu Lys Ile Pro Glu Leu Arg Arg Arg Gly Leu Pro Val Ala Arg Val
 20           25           30
Ala Asp Ala Ile Pro Tyr Cys Ser Ser Asp Trp Ala Leu Leu Arg Glu
 35           40           45
Glu Glu Lys Glu Lys Tyr Ala Glu Met Ala Arg Glu Trp Arg Ala Ala
 50           55           60
Gln Gly Lys Asp Pro Gly Pro Ser Glu Lys Gln Lys Pro Val Phe Thr
 65           70           75           80
Pro Leu Arg Arg Pro Gly Met Leu Val Pro Lys Gln Asn Val Ser Pro
 85           90           95
Pro Asp Met Ser Ala Leu Ser Leu Lys Gly Asp Gln Ala Leu Leu Gly
100          105          110
Gly Ile Phe Tyr Phe Leu Asn Ile Phe Ser His Gly Glu Leu Pro Pro
115          120          125
His Cys Glu Gln Arg Phe Leu Pro Cys Glu Ile Gly Cys Val Lys Tyr
130          135          140
Ser Leu Gln Glu Gly Ile Met Ala Asp Phe His Ser Phe Ile Asn Pro
145          150          155          160
Gly Glu Ile Pro Arg Gly Phe Arg Phe His Cys Gln Ala Ala Ser Asp
165          170          175
Ser Ser His Lys Ile Pro Ile Ser Asn Phe Glu Arg Gly His Asn Gln

```

151/175

	180		185		190
Ala Thr Val	Leu Gln Asn Leu Tyr Arg Phe Ile His Pro Asn Pro Gly				
195		200		205	
Asn Trp Pro Pro Ile Tyr Cys Lys Ser Asp Asp Arg Thr Arg Val Asn					
210		215		220	
Trp Cys Leu Lys His Met Ala Lys Ala Ser Glu Ile Arg Gln Asp Leu					
225		230		235	240
Gln Leu Leu Thr Val Glu Asp Leu Val Val Gly Ile Tyr Gln Gln Lys					
	245		250		255
Phe Leu Lys Glu Pro Ser Lys Thr Trp Ile Arg Ser Leu Leu Asp Val					
260		265		270	
Ala Met Trp Asp Tyr Ser Ser Asn Thr Arg Cys Lys Trp His Glu Glu					
275		280		285	
Asn Asp Ile Leu Phe Cys Ala Leu Ala Val Cys Lys Lys Ile Ala Tyr					
290		295		300	
Cys Ile Ser Asn Ser Leu Ala Thr Leu Phe Gly Ile Gln Leu Thr Glu					
305		310		315	320
Ala His Val Pro Leu Gln Asp Tyr Glu Ala Ser Asn Ser Val Thr Pro					
	325		330		335
Lys Met Val Val Leu Asp Ala Gly Arg Tyr Gln Lys Leu Arg Val Gly					
	340		345		350
Ser Ser Gly Phe Ser His Phe Asn Ser Ser Asn Glu Glu Gln Arg Ser					
	355		360		365
Asn Thr Pro Ile Gly Asp Tyr Pro Ser Arg Ala Lys Ile Ser Gly Gln					
	370		375		380
Asn Ser Ser Val Arg Gly Arg Gly Ile Thr Arg Leu Leu Glu Ser Ile					
385		390		395	400
Ser Asn Ser Ser Ser Asn Ile His Lys Phe Ser Asn Cys Asp Thr Ser					
	405		410		415
Leu Ser Pro Tyr Met Ser Gln Lys Asp Gly Tyr Lys Ser Phe Ser Ser					
	420		425		430
Leu Ser					

<210> 132

<211> 1561

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (385).. (1281)

<400> 132

gaagaaaggc gagcagaaca gaggaagtat ggagtgttct ttgatgaoga ctatgactac 60
 ctgcagcacc tgaaggaacc atctgggcct tcagagotta ttccctcaag taccttcagt 120
 gcacacaaca ggagagagga gaaagaagaa acgctagtaa ttocaagoac tggaattaag 180

152/175

```

ttgccttcat cagtgtttgc ttcagagttt gaggaagatg ttggattggt aaataaagca 240
gctccagttt caggacctcg actggatttt gatcctgaca ttgttgacgc tcttgatgat 300
gattttgact ttgatgatcc agataatctg ottgaggatg actttattct tcaggccaat 360
aaggcaacag gagaggaaga gggaatggat atacagaaat ctgagaatga agatgacagc 420
gagtgggaag atgtggatga tgagaaggga gatagcaatg atgactatga ctctgcaggc 480
ctattgtcag atgaagactg tatgtctgtg ccoggaaaaa ctcacagagc tatagcagat 540
cacttgttct ggagtggagga aacaaagagt cgtttcacgg agtattcgat gacttcctca 600
gtcatgagga gaaatgaaca gctgacccta catgatgaga ggtttgagaa gttttatgag 660
caatatgatg atgatgaaat tggagctctg gataatgcag aattggaagg ttctattcaa 720
gtggacagca atcgcttaca ggaagttttg aatgactact ataaagagaa ggcagagaat 780
tgtgtaaaat tgaataccct tgaacccttg gaggatcaag acctgccaat gaatgagctt 840
gatgagctcg aggaggaaga aatgattact gtagtcttg aagaagccaa agagaagtgg 900
gattgtgaat ctattttag tagataactca aatttatata accatccaca gcttatcaag 960
tatcaaccaa agcccaaaca aattcgaata tcttctaaaa caggaatacc tctcaatgto 1020
ttaccaaaga aaggactcac agcaaagcaa actgaaagaa tacagatgat taatggcagt 1080
gatcttccta aagtatcaac tcagccacgt tctaaaaatg aaagcaaaga agataaaaga 1140
gcaagaaaagc aagctataaa agaagagcgc aaggaacgaa gagtggagaa gaaagctaac 1200
aaattagcat ttaaactgga gaaaagaagg caagaaaag agctgctgaa cttgaagaag 1260
aatgttgagg gtctaaagct atagacagtg gagcatacag ggcaaggcac tttattaggg 1320
gctcctcctc tttggttatt gactagaaac ttcagaaaga caaaactgtt tgccattttt 1380
actggcagat aagaggaaaa tacaatattt gtattatttt tatactagta agtgtccctt 1440
gccaacctc ttgtaaatat tgaataactt taatttttaa tattataago ttacatttgc 1500
totgaagtaa atgacttcat gaatgtgaaa tgtttgataa attaaaggaa aatatcttca 1560
t

```

<210> 133

<211> 299

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 133

```

Met Asp Ile Gln Lys Ser Glu Asn Glu Asp Asp Ser Glu Trp Glu Asp
 1          5          10          15
Val Asp Asp Glu Lys Gly Asp Ser Asn Asp Asp Tyr Asp Ser Ala Gly
 20          25          30
Leu Leu Ser Asp Glu Asp Cys Met Ser Val Pro Gly Lys Thr His Arg
 35          40          45
Ala Ile Ala Asp His Leu Phe Trp Ser Glu Glu Thr Lys Ser Arg Phe
 50          55          60
Thr Glu Tyr Ser Met Thr Ser Ser Val Met Arg Arg Asn Glu Gln Leu
 65          70          75          80
Thr Leu His Asp Glu Arg Phe Glu Lys Phe Tyr Glu Gln Tyr Asp Asp
 85          90          95
Asp Glu Ile Gly Ala Leu Asp Asn Ala Glu Leu Glu Gly Ser Ile Gln
100          105          110
Val Asp Ser Asn Arg Leu Gln Glu Val Leu Asn Asp Tyr Tyr Lys Glu
115          120          125

```

153/175

Lys Ala Glu Asn Cys Val Lys Leu Asn Thr Leu Glu Pro Leu Glu Asp
 130 135 140
 Gln Asp Leu Pro Met Asn Glu Leu Asp Glu Ser Glu Glu Glu Met
 145 150 155 160
 Ile Thr Val Val Leu Glu Glu Ala Lys Glu Lys Trp Asp Cys Glu Ser
 165 170 175
 Ile Cys Ser Thr Tyr Ser Asn Leu Tyr Asn His Pro Gln Leu Ile Lys
 180 185 190
 Tyr Gln Pro Lys Pro Lys Gln Ile Arg Ile Ser Ser Lys Thr Gly Ile
 195 200 205
 Pro Leu Asn Val Leu Pro Lys Lys Gly Leu Thr Ala Lys Gln Thr Glu
 210 215 220
 Arg Ile Gln Met Ile Asn Gly Ser Asp Leu Pro Lys Val Ser Thr Gln
 225 230 235 240
 Pro Arg Ser Lys Asn Glu Ser Lys Glu Asp Lys Arg Ala Arg Lys Gln
 245 250 255
 Ala Ile Lys Glu Glu Arg Lys Glu Arg Arg Val Glu Lys Lys Ala Asn
 260 265 270
 Lys Leu Ala Phe Lys Leu Glu Lys Arg Arg Gln Glu Lys Glu Leu Leu
 275 280 285
 Asn Leu Lys Lys Asn Val Glu Gly Leu Lys Leu
 290 295

<210> 134

<211> 2497

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (305).. (970)

<400> 134

tcccaatgct ggtcgggtact gggagacagt agagaggttg aagatcaatc agttctatgg 60
 cgcaccaacg gctgtccggc tgttgtgaa atacgggtgat gcotgggtga agaagtatga 120
 tcgtcctcc ctgcggaccc tggggtcagt gggagagccc atcaactgtg aggcctggga 180
 gtggcttcac aggttgggtg gggacagcag gtgcacgctg gtggacacct ggtggcagac 240
 agaaacaggt ggcattctga tcgcaccacg gccctcggaa gaaggggagg aaatcctccc 300
 tgccatggcg atgaggccct tctttggcat cgtcccgctc ctcatggatg agaagggcag 360
 cgtcgtggag ggcagcaacg tctccggggc cctgtgcatc tcccaggcct ggccgggcat 420
 ggccaggacc atctatggcg accaccagcg atttgtggac gcctacttca aggcctaccc 480
 aggotattac ttcactggag acggggctta ccgaactgag ggoggctatt accagatcac 540
 agggoggatg gatgatgtca tcaacatcag tggccaccgg ctggggaccg cagagattga 600
 ggacggcatc gccgaccacc ctgcagtacc agaaagtgtc gtcatgggt accccacga 660
 catcaaagga gaagctgcct ttgccttcat tgtggtgaaa gatagtgcgg gtgaotcaga 720
 tgttggtgtg caggagctca agtccatggg ggccaccaag atcgccaaat atgtgtgcc 780
 tgatgagatc ctggtgtgta aacgtcttcc aaaaaccagg tctgggaagg tcatgoggcg 840

154/175

```

gtccttgagg aagatcatca ctagtgaggc ccaggagctg ggagacacta ccaccttgga 900
ggaccccagc atcatcgcag agatcctgag tgtctaccag aagtgcagg acaagcaggc 960
tgctgctaag tgagctggca ccttggtggg ctcttgggat gggcgggcac ccaagccctg 1020
gottgtcctt ccagaaggt acccctgagg ttggogtctt cctacgtccc agaagcagcc 1080
cccaccccac acatgaccca caccgccctc acgtgaagct gggctgagag ccccttctcc 1140
catccattgg aggtcccagg agtgcacccc atggagaggc tatgcgacat ggctagggct 1200
ggttctgcca tctgagtttg gtttcttgga atgaaaaggc attgccatct ccattcctct 1260
gocctcttga gccagcacag gaagggtgagg ccttgggata ggcgcctgc tcagataaca 1320
cagagctagt tagctagtag caaccgtgtt ttctccagat ctgtctagat acaaaggtoa 1380
gaaatcttat tttatactt ttatatgtg gaagaacagc atgcaacact cacatgtagt 1440
gtgtggattt acttgaacat gttcttttta acatgtagtt atgaaaatct ccttttttgc 1500
ctctactggg gaggaaacat gaggatcaga ggcacattt ttaattattg ttagtgtatt 1560
tggaagtctg aattggagat gtttgtacct ctgtctaaac agttcccttg agaacttcca 1620
agcctccggc atcttttctt ggtgagtggt totcctgtgc ttggttgtgt ataattggagc 1680
taactcctaa ggggtggggg gaatgtggcc gccttagtto tgaagctact ccagttatgt 1740
tctgtttctt caagctgtga tccagaaaga tttttgtgcc ccagatgcc tcttgatagg 1800
agaggcaaca tactccaaat agttgggttc ttcagggaag ctattagaaa ctcaggtgac 1860
ttgttagagc actaacttgg tcagagccaa atcctggcaa acgtgcctg accttcactc 1920
tgtgttgagg gcagtggaga cacttgaggt ccaatgatga gacttgagg tctggatcca 1980
gtctctcttt gttttaatgt gacttaggtg ctgtcaacat tagcaagata atggaaatoa 2040
cgacgccagt ggggtgcttac ctccctgcta ggcattgcagg ggcctggcgt tggcagggga 2100
aggaggccca gtgagccggg tcccttaggg gaggagagt ttgtcctott tgcccacag 2160
tctaccotte agggccttgt ggcagtgcca gtgttcgggg ggtgtotggg ccactgagta 2220
cccactcggg cgtggttggt ctggcctctt ggggtagtga acctgtgaag ccaggagggt 2280
ggtgttggt gcagggtaca caaatactga gtggtgtgt tttgttacag gcttagcaac 2340
aaagtgtgc cctgggcatg gggggctgta gtgtagctac agttgtgctt ttgtgaaatg 2400
gcttagcttt ccattgtgt gagaggaacc tggacatggt cccgggcacg tgaatgatct 2460
gtaggggagg gatttcaaat aaagcttat tttgttc 2497

```

<210> 135

<211> 222

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 135

```

Met Ala Met Arg Pro Phe Phe Gly Ile Val Pro Val Leu Met Asp Glu
 1             5             10             15
Lys Gly Ser Val Val Glu Gly Ser Asn Val Ser Gly Ala Leu Cys Ile
      20             25             30
Ser Gln Ala Trp Pro Gly Met Ala Arg Thr Ile Tyr Gly Asp His Gln
      35             40             45
Arg Phe Val Asp Ala Tyr Phe Lys Ala Tyr Pro Gly Tyr Tyr Phe Thr
      50             55             60
Gly Asp Gly Ala Tyr Arg Thr Glu Gly Gly Tyr Tyr Gln Ile Thr Gly
      65             70             75             80
Arg Met Asp Asp Val Ile Asn Ile Ser Gly His Arg Leu Gly Thr Ala
      85             90             95

```

155/175

Glu Ile Glu Asp Ala Ile Ala Asp His Pro Ala Val Pro Glu Ser Ala
 100 105 110
 Val Ile Gly Tyr Pro His Asp Ile Lys Gly Glu Ala Ala Phe Ala Phe
 115 120 125
 Ile Val Val Lys Asp Ser Ala Gly Asp Ser Asp Val Val Val Gln Glu
 130 135 140
 Leu Lys Ser Met Val Ala Thr Lys Ile Ala Lys Tyr Ala Val Pro Asp
 145 150 155 160
 Glu Ile Leu Val Val Lys Arg Leu Pro Lys Thr Arg Ser Gly Lys Val
 165 170 175
 Met Arg Arg Leu Arg Lys Ile Ile Thr Ser Glu Ala Gln Glu Leu
 180 185 190
 Gly Asp Thr Thr Leu Glu Asp Pro Ser Ile Ile Ala Glu Ile Leu
 195 200 205
 Ser Val Tyr Gln Lys Cys Lys Asp Lys Gln Ala Ala Lys
 210 215 220

<210> 136

<211> 1972

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (666).. (1487)

<400> 136

tccaggcgca ggccgaggcc ttccgcgcgc agatctacgg gcccgagtgc acctcaagg 60
 ccagccacgg ctggttctgg ogctggcaga agcgccacgg catctccagc cagcgcttct 120
 acggcgaggc cgggccccca gcccggagcc ccgcgcccgg cccgcccgtc aaggaggagc 180
 ccgcgctgcc ctccggcgcc ggccccctgc ccgaccgcgc cccggccccg ccgcccccg 240
 ccgaggggcg ctacggggac gaggcagatt acagcgccag cgtcacgggc ctctactgga 300
 agctgcttcc ggagcaggct gcgcccccg gcgcagggga ccccgggggc ggagggtgtg 360
 gccggcgctg gggggcgac cgcgtaacgg tgctgtggc cgcaaacctg accggcagcc 420
 acaagctgaa gccgctggtc atcggggcgc tgcgggaccc gcccagcctg cggcaccaca 480
 accaggacaa gttcccggcc tcctaccgct acagccccga gccttggtc agccgcccgc 540
 tgtgcgggg ctggttcttt gaggaatttg tcccaggcgt caaacgctac ctgcgcgaa 600
 gctgcotgca gcagaaggcc gtgtgtgtgg tggccaccc gccctgccc agcccagctg 660
 ccagtatgcc cggcctggac agcaggatg cccccgtgc gtgcaggcc gagcccctc 720
 gtccccgga ggagctgcag acaccgatg gcgtgtgcg ggtgtgttc ctgtccaaag 780
 gcagcagccg ggcacatato ccgcacccg tggagcagg cgtggtggcc gccttcaaac 840
 agctgtacaa gcgcgagctg ctggaotgg ctgtgtctc gcgcagggc tccccgctg 900
 gcttcatgcg cagcttcatg ctcaaggaca tgcctacct ggttggcctc tctggggacc 960
 tgggtgcagg gggcagcatt gagcgtgct ggtgtctgg cctgogggct gccttcgagc 1020
 cccggccgg ogaggacagt gctgggcagc cggcccagg cgaggaagcc gccgagcaca 1080
 gcagggtgct cagcgacctc acccaacctg cggctctgga ctacaagtgc ctggctccgg 1140
 aggaggttgc ggagtggctg cacctggacg atgatggggg tcggcccgag ggtgcaggg 1200

156/175

```

aggaggtggg cccagccctg ccccttgcag cgcctccggc cccagccagt ctgccctctg 1260
ccattggggg cggagaggac gaggaggagg ccaccgacta tggagggacc tcagtgccga 1320
ctgccgggga ggcogtgagg gggctagaaa cagctctgag gtggctggag aaccaggacc 1380
ccagagaggt gggggcaactg aggttggtgc agttgcgtc actcatcagc atggcccga 1440
ggctgggggg catcgggcat accccagcag gccctatga cgggtgtgtga ccaggccagc 1500
ccagtgcact ttctcctgct gcaattggag ggaggggaca tacacacagt ctcccacttc 1560
tctcccttc cccctggggg ggcccaccgc atgggtacag ggggttccag gaatccaaat 1620
ccagcatggc ttggaggagc tctgttggtg agaggtcgcc ctgcctcact ggcaccctgg 1680
gggcacagct ggaagagagg cctggcccat gctcctctca gggcaggcac atgtacgggg 1740
catacaaggc acagcgcctg ttggaacagg tggctgtgtt cctgctotgg cccccgtgag 1800
gttgggcctc cgcctctgca ccagtcacat gcactggacg agggccgaaa ctctgtctg 1860
ctatcgagcc ctggtgctat gtggcccgag agccacagca caatcatctc agtggcgaag 1920
cacaccactt gattctattt ttttttaaca cattaaatct gtttttaaag at 1972

```

<210> 137

<211> 274

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 137

```

Met Pro Ala Leu Asp Ser Glu Asp Ala Pro Val Arg Cys Arg Pro Glu
 1           5           10           15
Pro Leu Gly Pro Pro Glu Glu Leu Gln Thr Pro Asp Gly Ala Val Arg
      20           25           30
Val Leu Phe Leu Ser Lys Gly Ser Arg Ala His Ile Pro Ala Pro
      35           40           45
Leu Glu Gln Gly Val Val Ala Phe Lys Gln Leu Tyr Lys Arg Glu
      50           55           60
Leu Leu Arg Leu Ala Val Ser Cys Ala Ser Gly Ser Pro Leu Gly Phe
      65           70           75           80
Met Arg Ser Phe Met Leu Lys Asp Met Leu Tyr Leu Ala Gly Leu Ser
      85           90           95
Trp Asp Leu Val Gln Ala Gly Ser Ile Glu Arg Cys Trp Leu Leu Gly
      100          105          110
Leu Arg Ala Ala Phe Glu Pro Arg Pro Gly Glu Asp Ser Ala Gly Gln
      115          120          125
Pro Ala Gln Ala Glu Glu Ala Ala Glu His Ser Arg Val Leu Ser Asp
      130          135          140
Leu Thr His Leu Ala Ala Leu Ala Tyr Lys Cys Leu Ala Pro Glu Glu
      145          150          155          160
Val Ala Glu Trp Leu His Leu Asp Asp Asp Gly Gly Pro Pro Glu Gly
      165          170          175
Cys Arg Glu Glu Val Gly Pro Ala Leu Pro Pro Ala Ala Pro Pro Ala
      180          185          190
Pro Ala Ser Leu Pro Ser Ala Ile Gly Gly Gly Glu Asp Glu Glu Glu
      195          200          205
Ala Thr Asp Tyr Gly Gly Thr Ser Val Pro Thr Ala Gly Glu Ala Val

```

157/175

210	215	220
Arg Gly Leu Glu Thr	Ala Leu Arg Trp Leu Glu Asn Gln Asp Pro Arg	
225	230	235
Glu Val Gly Pro Leu Arg Leu Val	Gln Leu Arg Ser Leu Ile Ser Met	240
245	250	255
Ala Arg Arg Leu Gly Gly Ile Gly His Thr Pro Ala Gly Pro Tyr Asp		260
265	270	
Gly Val		

<210> 138
 <211> 3677
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (996).. (3437)

<400> 138

```

attacaggcg gatcccatgg ggccggagggc ctgcaccacc gogagatgtg gccattttac 60
aagaaagggc taataagttg gtgaaatacc tgttggttaa ggaccagaca aagatcccca 120
tcaaacgctc agacatgctg agggatgtoa tccgagaata tgatgaatat ttcccagaaa 180
tcattgaacg agcaagctac actctggaga agatgtttcg agtcaatctg aaagaaattg 240
ataagctaag tagcttgtat attctcatca gcactcagga atcctctgca ggcatactgg 300
gaacgaccaa ggacacaccc aagctgggtc tctcatgggt gattctgagt gtcattttta 360
tgaattggcaa caaggccggt gaggctgtoa tctgggaggt gctgogcaag ttggggctgc 420
gccctgggta tgactgggct ctctcagcgc ttgctgtcgg tttgttcott tggcaagaga 480
ggatgggtcct aggtttgcat cagtctgggt gtcctgggtg gcgggtgggg tgctggactg 540
ggtagagggc ccagggttct gacotgggtg gatgaogggc aaatggctct gaactctctg 600
ctgtctctct ccttaatgtc ctctgtctgt tctaagctga gatgttagat agacottcag 660
ggatccctga caaagaggca tctggtctta actgcttgc tctagtggcc atgtgtcat 720
tactttcttc acttcattga gactgcccc a tgtgctagag aggtttcttc catgttggga 780
aatgcctctg cctcatctg ggcagttctg atctgtgttc atgggttatt tttccattg 840
tcagggtgag gcattcactc tttggggaag tgaggaagct catcacagac gagtttgtga 900
agcagaagta cctggagtac aagagggtcc ctaacagcag accacctgaa tatgatttcc 960
tctggggctt gcgtcctac cagcagacta gcaagatgaa agtcttcaag tttgatgca 1020
gggtgcagaa gaaagacccc aaggactggg ctgtgcagta ccgagaggca gtggagatgg 1080
aagtccaagc tgcagctgtg gctgtggctg aggcgtgaagc cagggtgag gcaagagccc 1140
aaatggggat tggagaggaa gctgtggctg ggccctggaa ttgggatgac atggatatcg 1200
actgcctaac aaggggaagag ttaggcgatg atgctcaggc ctggagoaga ttttoatttg 1260
aaattgaggc cagagcccaa gaaaatgcag atgccagcac caacgtcaac ttcagcagag 1320
gagctagtag cagggtggc ttcagcgatg gtgctagtag tagcttcaat ggtgcaccca 1380
gctccagtgg tggcttoagt ggtggacctg gcattacctt tgggtttgca cccagcacca 1440
gtgccagott cagcaatata gccagcatta gctttgtgtg tacaactgagc actagctcca 1500
gcttcagcag cgcagccagc attagctttg gttgtgcaca cagcaccagc actagtttca 1560
gcagtgaagc cagcatttagc tttggtggca tgccttgtac cagtgcacgc tttagtgtg 1620

```


158/175

gagtcagctc tagttttagt ggcccactca gcaccagtgc cactttcagt ggtggagcca 1680
 gctctggcct tggaggcaca ctcagcacca cggctggcct tagtgggtga ctcagcacta 1740
 gcaccagcct tggcagtgoa cccacaacga gcacagtctt cagtagtgcg cttagcacca 1800
 gcaactggcct tggaggcata ctcagcacca gtgtctgttt tggtaggtct cccagctcca 1860
 gtggttagctt tggtaggtaca ctcagtacca gtatctgtct cggtaggtct ccttgcacca 1920
 gcaactggcct tggaggcaca cttagcacca gtgtctcctt tggtaggtct tccagcacca 1980
 gtgccaattt tggtaggtaca ctaagtacca gcatctgtct tgatggctct cccagcactg 2040
 gtgtctggcct tggtaggtgt ctcaacacca gtgccagctt tggcagtgtg ctcaacacca 2100
 gtactggttt tggtaggtgt atgagcacca gtgtgactt tgggggtaca ctaagcacca 2160
 gtgtctgtct tggtaggtct cctggcacca gtgtcagctt tggcagtgtg ctcaacacca 2220
 atgtctggta tggtaggtgt gtcagcacca aactgactt tggtaggtaca ctaagcacca 2280
 ggcctctgtt tggtaggtct cccagcacca gtgtctgtct tggtaggtgt ctcaacacca 2340
 atgccagcct tggctgtgcc gtcagcacca gtgccagctt cagtgggtgt gtcagcacca 2400
 gtgtctgtct cagtgggtgt ccaatcacca accctggcct tgggggtgt tttagcacca 2460
 gtgtctggcct cggtaggggt cttagtacog ttgtgactt cggtaggtact cccagcaaca 2520
 gcattggcct tggtaggtgt cccagcacca gtgtcggcct tggtaggtgt catggcacca 2580
 gcctctgttt tggtaggtgt cccagcacca gcctctgtct tggcagtgtg tctaatacta 2640
 acctatgtct tggtaggtgt cctagcacca gtgcctgtct tagtgggtgt accagcccta 2700
 gtttttgtga tggagccagc accagtacog gtttcagctt tggcaatggg ttaagcacca 2760
 atgtctggatt tggtaggtgt ctgaacacca gtgtctggcct tggtaggtgt ctaggcacca 2820
 gtgtctggcct cagtgggtgt ctaagcaca gttctggcct tgatgggtgt ctaggtacca 2880
 ggcctggcct cggtaggtgt ccaggcacca gcaactgttt tggtaggtgt ctaggcacca 2940
 gtgtctggcct cagtgggtgt ctgggcacca gtgtctggcct tggtaggtgt ctaggtacca 3000
 gtgtctggcct tggtaggtgt ctgggcacca atgtctgttt cggcagcaca cttggcacca 3060
 gtgtctggcct tagtgggtgt ctcagcacca gcgatggcct tggcagttag cctaattgca 3120
 gcttcgacag aggactgagt accatcattg gotttggcag tggttccaac accagcactg 3180
 gctttactgg cgaaccagc accagcacgg gottcagtag tggaccaggt tctattgttg 3240
 gcttcagcgg tggaccaagc actgggtgtt gottctgcag tggaccaagc accagtgggt 3300
 tcagcgggtg accgagcaca ggagotggct toggcgggtg accaaacact ggtgtctgggt 3360
 ttggtaggtg accgagcacc agtgtgtgtt ttggcagtgt agccgocagt cttggtgoot 3420
 gtggcttctc gtatggctag tgaggtttca gatttattcc ccatgtttac agataccgt 3480
 aataaattgc agtagtctt cccatggagc caaagtacat ccttgggaatc tttgtccaca 3540
 cagcagtcac ggacgttatg gcaatcagc tgaggtgtgt atgtgatgga aaaatctgtt 3600
 tgctgttcct gctttattgt ttgctttctg tgtgtgtca ttttttggtg tcagagttac 3660
 attaaatttg caaaatg 3677

<210> 139

<211> 814

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 139

Met Lys Val Leu Lys Phe Ala Cys Arg Val Gln Lys Lys Asp Pro Lys
 1 5 10 15
 Asp Trp Ala Val Gln Tyr Arg Glu Ala Val Glu Met Glu Val Gln Ala
 20 25 30
 Ala Ala Val Ala Val Ala Glu Ala Glu Ala Arg Ala Glu Ala Arg Ala

159/175

	35		40		45	
Gln	Met	Gly	Ile	Gly	Glu	Glu
50					55	
Asp	Met	Asp	Ile	Asp	Cys	Leu
65				70		
Gln	Ala	Trp	Ser	Arg	Phe	Ser
			85			90
Asn	Ala	Asp	Ala	Ser	Thr	Asn
	100				105	
Arg	Ala	Gly	Phe	Ser	Asp	Gly
	115				120	
Ser	Ser	Ser	Gly	Gly	Phe	Ser
130					135	
Ala	Pro	Ser	Thr	Ser	Ala	Ser
145					150	
Gly	Gly	Thr	Leu	Ser	Thr	Ser
			165			170
Ser	Phe	Gly	Cys	Ala	His	Ser
	180				185	
Ser	Ile	Ser	Phe	Gly	Gly	Met
	195				200	
Gly	Val	Ser	Ser	Ser	Phe	Ser
210					215	
Ser	Gly	Gly	Ala	Ser	Ser	Gly
225					230	
Gly	Phe	Ser	Gly	Val	Leu	Ser
			245			250
Thr	Thr	Ser	Thr	Val	Phe	Ser
			260			265
Gly	Gly	Ile	Leu	Ser	Thr	Ser
	275				280	
Ser	Gly	Ser	Phe	Gly	Gly	Thr
290					295	
Ser	Pro	Cys	Thr	Ser	Thr	Gly
305					310	
Ser	Phe	Gly	Gly	Ser	Ser	Ser
			325			330
Ser	Thr	Ser	Ile	Cys	Phe	Asp
			340			345
Gly	Gly	Ala	Leu	Asn	Thr	Ser
	355				360	
Ser	Thr	Gly	Phe	Gly	Gly	Ala
370					375	
Thr	Leu	Ser	Thr	Ser	Val	Cys
385					390	
Ser	Phe	Gly	Ser	Ala	Leu	Asn
			405			410
Ser	Thr	Asn	Thr	Asp	Phe	Gly
						415

160/175

420 425 430
 Gly Gly Ser Pro Ser Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Ala Leu Asn Thr
 435 440 445
 Asn Ala Ser Phe Gly Cys Ala Val Ser Thr Ser Ala Ser Phe Ser Gly
 450 455 460
 Ala Val Ser Thr Ser Ala Cys Phe Ser Gly Ala Pro Ile Thr Asn Pro
 465 470 475 480
 Gly Phe Gly Gly Ala Phe Ser Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Ala Leu
 485 490 495
 Ser Thr Val Ala Asp Phe Gly Gly Thr Pro Ser Asn Ser Ile Gly Phe
 500 505 510
 Gly Ala Ala Pro Ser Thr Ser Val Gly Phe Gly Gly Ala His Gly Thr
 515 520 525
 Ser Leu Cys Phe Gly Gly Ala Pro Ser Thr Ser Leu Cys Phe Gly Ser
 530 535 540
 Ala Ser Asn Thr Asn Leu Cys Phe Gly Gly Pro Pro Ser Thr Ser Ala
 545 550 555 560
 Cys Phe Ser Gly Ala Thr Ser Pro Ser Phe Cys Asp Gly Pro Ser Thr
 565 570 575
 Ser Thr Gly Phe Ser Phe Gly Asn Gly Leu Ser Thr Asn Ala Gly Phe
 580 585 590
 Gly Gly Gly Leu Asn Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Gly Leu Gly Thr
 595 600 605
 Ser Ala Gly Phe Ser Gly Gly Leu Ser Thr Ser Ser Gly Phe Asp Gly
 610 615 620
 Gly Leu Gly Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Gly Phe Gly Gly Gly Leu Gly Thr Ser Ala Gly Phe Ser Gly Gly Leu
 645 650 655
 Gly Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Gly Leu Val Thr Ser Asp Gly Phe
 660 665 670
 Gly Gly Gly Leu Gly Thr Asn Ala Ser Phe Gly Ser Thr Leu Gly Thr
 675 680 685
 Ser Ala Gly Phe Ser Gly Gly Leu Ser Thr Ser Asp Gly Phe Gly Ser
 690 695 700
 Arg Pro Asn Ala Ser Phe Asp Arg Gly Leu Ser Thr Ile Ile Gly Phe
 705 710 715 720
 Gly Ser Gly Ser Asn Thr Ser Thr Gly Phe Thr Gly Glu Pro Ser Thr
 725 730 735
 Ser Thr Gly Phe Ser Ser Gly Pro Ser Ser Ile Val Gly Phe Ser Gly
 740 745 750
 Gly Pro Ser Thr Gly Val Gly Phe Cys Ser Gly Pro Ser Thr Ser Gly
 755 760 765
 Phe Ser Gly Gly Pro Ser Thr Gly Ala Gly Phe Gly Gly Gly Pro Asn
 770 775 780
 Thr Gly Ala Gly Phe Gly Gly Gly Pro Ser Thr Ser Ala Gly Phe Gly
 785 790 795 800
 Ser Gly Ala Ala Ser Leu Gly Ala Cys Gly Phe Ser Tyr Gly

161/175

805

810

<210> 140
<211> 5097
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (72).. (1910)

<400> 140

```
ctagctatgg aattaactgct ttcaatcatc cctgaatct caccaagcag cagctctcag 60
agggtggctct gatgaaccaca tcagtggatg tccttgtgtc catctgtgtc atctttgcaa 120
tgtccttctg cccagccagc ttgttgtat tcctgatcca ggagcgggtc agcaaagcaa 180
aacacctgca gttcttcagt ggagtgaagc ctgtcatcta ctggctctct aattttgtct 240
gggatatgtg caattacgtt gtccctgcca cactggatcat tatcatcttc atctgcttcc 300
agcagaagtc ctatgtgtcc tccaccaatc tgctgtgtc agcccttcta cttttgctgt 360
atgggtggtc aatcacacct ctcatgtacc cagctctctt tgtgttcaag atccccagca 420
cagcctatgt ggtgtctacc agcgtgaacc tcttcattgg cattaatggc agcgtggcca 480
cctttgtgtc ggagctgttc accgacaata agctgaataa tatcaatgat atcctgaagt 540
ccgtgttctt gatcttccca ctttttgcc tgggacgagg gctcatcgac atggtgaaaa 600
accaggcaat ggtgatgcc ctggaaaggt ttggggagaa tcgctttgtg tcaccattat 660
cttgggactt ggtgggacga aacctcttcg ccatggccgt ggaaggggtg gtgttcttcc 720
tcattactgt totgatccag tacagattct tcatcaggcc cagacctgta aatgcaaagc 780
tatctcctct gaatgatgaa gatgaagatg tgaggcggga aagacagaga attcttgatg 840
gtggaggcca gaatgacatc ttagaaatca aggagttagc gaagatatat agaaggaagc 900
ggaagcctgc tgttgacagg atttgctgtg gcattcctcc tgggtgagtgc tttgggctcc 960
tgggagttaa tggggctgga aaatcatcaa ctttcaagat gttaacagga gataccactg 1020
ttaccagagg agatgctttc cttaacaaaa atagtatctt atcaaacatc catgaagtac 1080
atcagaacat gggctactgc cctcagtttg atgccatcac agagctgttg actgggagag 1140
aacacgtgga gttctttgcc cttttgagag ggtcccaga gaaagaagtt ggcaagggtg 1200
gtgagtgggc gattcggaat ctgggcctcg tgaagtatgg agaaaaatat gctggtaact 1260
atagtggagg caacaaacgc aagctctcta cagccatggc tttgatcggc gggcctcctg 1320
tggtgtttct ggatgaaccc accacaggca tggatcccaa agcccgoggg ttcttgttga 1380
attgtgccct aagtgttgtc aaggagggga gatcagtagt gcttacatct catagtatgg 1440
aagaatgtga agctctttgc actaggatgg caatcatggt caatggaagg ttcagggtgcc 1500
ttggcagtggt ccagcatcta aaaaataggt ttggagatgg ttatacaata gttgtacgaa 1560
tagcagggtc caaccgggac ctgaagcctg tccaggattt ctttggactt gcatttcctg 1620
gaagtgttct aaaagagaaa caccggaaca tgctacaata ccagcttcca tcttcattat 1680
cttctctggc caggatatto agcatcctct cccagagcaa aaagcgactc cacatagaag 1740
actactctgt ttctcagaca acacttgacc aagtatttgt gaactttgcc aaggacaaaa 1800
gtgatgatga ccacttaaaa gacctctcat tacacaaaaa ccagacagta gtggacgttg 1860
cagttctcac atcttttcta caggatgaga aagtgaaga aagctatgta tgaagaatcc 1920
cgttcatacg ggggtggctga aagtaaagag gaactagaat ttcctttgca ccatgtgaag 1980
tgttgtggag aaaagagcca gaagttagat tgggaagaag taaactggat actgtactga 2040
taotattcaa tgcaatgcaa ttcaatgoaa tgaaaacgaa attccattac aggggcagtg 2100
```

cctttgtago ctatgtcttg tatggctctc aagtgaaga ottgaattta gttttttacc 2160
tataacctatg tgaacctota ttatggaacc caatggacat atgggtttga actcacactt 2220
ttttttttgt tcctgtgtat tctcattggg gttgcaacaa taattcatca agtaatcatg 2280
gccagcgatt attgatcaaa atcaaaaagg aatgcacatc ctcatcactt aagccatgcc 2340
atgcccagga gactggtttc ccggtgacac atccattgct ggcaatgagt gtgccagaat 2400
tattagtgc aagtttttca gaaagtttga agcaccatgg tgtgtcatgc tcacttttgt 2460
gaaagctgct ctgctcagag tctatcaaca ttgaatatca gttgacagaa tgggtccatg 2520
cgtggctaac atcctgcttt gattccctct gataagctgt tctggtggca gtaacatgca 2580
acaaaaatgt ggggtctctt aggcacggga aacttggttc cattgttata ttgtcctatg 2640
cttcgagcca tgggtctaca gggctatcct tatgagactc ttaaataac ttagatcctg 2700
gtaagaggca aagaatcaac agccaaactg ctggggctgc aagctgctga agccagggca 2760
tggtattaaa gagattgtgc gttcaaacct aggggaagcct gtgcccattt gtcctgactg 2820
tctgctaaca tggtaacctg catctcaaga tgtttatctg acacaagtgt attattttctg 2880
gctttttgaa ttaactotaga aaatgaaaag atggagttgt attttgacaa aaatgtttgt 2940
actttttaat gttatttga attttaagtt ctatcagtga cttctgaatc cttagaatgg 3000
cctctttgta gaacctgtg gtatagagga gtatggccac tgccccacta tttttatttt 3060
cttatgtaa tttgcatatc agtcatgact agtgccctaga aagcaatgtg atggtcagga 3120
tctcatgaca ttatatttga gtttctttca gatcatttag gatactotta atctcacttc 3180
atcaatcaaa tattttttga gtgtatgctg tagctgaaag agtatgtacg tacgtataag 3240
actagagaga tattaagtct cagtacactt cctgtgccat gtttttcagc tcaotggttt 3300
acaaatatag gttgtcttgt ggtttagga gccactgta acaatatigg gcagcccttt 3360
ttttttttt ttaattgcaa caatgcaaaa gccaaagaaag tataagggtc acaagtcaaa 3420
caatgaattc ttcaacaggg aaaacagcta gcttgaanaa ttgtgaaaa acacaacttg 3480
tgtttatggc atttagtacc ttcaataat tggcctttgca gatattggat accccattaa 3540
atctgacagt ctcaaatctt tcatctcttc aatcactagt caagaaaaat ataaaaacaa 3600
caaatacttc catatggagc atttttcaga gttttctaac ccagtottat tttctagtc 3660
agtaaacatt tgaanaata ctgtttcact aatacttact gtttaactgtc ttgagagaaa 3720
agaaaaatat gagagaacta ttgtttgggg aagtccaagt gatctttcaa tatcattact 3780
aactcttcc actttttcca aaatttgaat attaacgcta aagggtgaag acttcagatt 3840
tcaaatat ctctctatat tttttaaat tacagaatat tatataacc actgctgaaa 3900
aagaaaaaaa tgattgtttt agaagttaa gtcaatatg attttaata taagtaatga 3960
aggcatattt ccaataacta gtgatattgc atcgttgcat tttacagtat cttcaaaaaat 4020
acagaattta tagaataatt tctcctcatt taatattttt caaaatcaaa gttatggttt 4080
cctcatitta ctaaaatcgt attctaattc ttcattatag taaatctatg agcaactcct 4140
tacttcggtt cctctgattt caaggccata ttttaaaaaa tcaaaaggca ctgtgaacta 4200
ttttgaagaa aacacgacat ttaataacag attgaaagga cctctctga agctagaaac 4260
aatctatagt tatacatctt catataact gtgttacctt ttaaaatagt aattttttac 4320
attttcctgt gtaaacctaa ttgttgtaga aatttttacc aactotatac tcaatcaagc 4380
aaaatttctg tatattccct gtggaatgta cctatgtgag tttcagaaat tctcaaaaata 4440
cgtgttcaaa aatttctgct tttgcatctt tgggacacct cagaaaactt attaacaact 4500
gtgaatatga gaaatacaga agaaaataat aagccctcta tacataaatg cccagcacaa 4560
ttcattgtta aaaaacaacc aaacctcaca ctactgtatt tcattatctg taotgaaagc 4620
aatgctttg tgactattaa atgttgaca tcattcattc actgtatagt aatcattgac 4680
taaagccatt tatctgtgtt ttcttcttgt gttgtatat atcaggtaaa atattttcca 4740
aagagccatg tgcattgaa tactgaacca cttgatatt gagacattaa tttgtacct 4800
tgttattatc tactagtaat aatgtaatac tgtagaataa ttgctctaatt tttttcaaa 4860
attgttgcac cccctttaga atgtttctat ttccataagg atttaggtat gctattatcc 4920
cttcttatac cctaagatga agctgttttt gtgtctttt ttcattcatt gccctcattc 4980

163/175

caagcacttt acgctgtctg taacgggatac tatttttgca ctggaatatac tgagaattgc 5040
 aaaactagac aaaagtttca caacagattt ctaagttaaa tcattatcat taaaagg 5097

<210> 141

<211> 613

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 141

Met	Thr	Thr	Ser	Val	Asp	Val	Leu	Val	Ser	Ile	Cys	Val	Ile	Phe	Ala
1				5					10					15	
Met	Ser	Phe	Val	Pro	Ala	Ser	Phe	Val	Val	Phe	Leu	Ile	Gln	Glu	Arg
			20					25					30		
Val	Ser	Lys	Ala	Lys	His	Leu	Gln	Phe	Phe	Ser	Gly	Val	Lys	Pro	Val
		35				40						45			
Ile	Tyr	Trp	Leu	Ser	Asn	Phe	Val	Trp	Asp	Met	Cys	Asn	Tyr	Val	Val
	50				55					60					
Pro	Ala	Thr	Leu	Val	Ile	Ile	Ile	Phe	Ile	Cys	Phe	Gln	Gln	Lys	Ser
	65				70				75					80	
Tyr	Val	Ser	Ser	Thr	Asn	Leu	Pro	Val	Leu	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Leu
			85					90						95	
Tyr	Gly	Trp	Ser	Ile	Thr	Pro	Leu	Met	Tyr	Pro	Ala	Ser	Phe	Val	Phe
			100					105					110		
Lys	Ile	Pro	Ser	Thr	Ala	Tyr	Val	Val	Leu	Thr	Ser	Val	Asn	Leu	Phe
		115					120					125			
Ile	Gly	Ile	Asn	Gly	Ser	Val	Ala	Thr	Phe	Val	Leu	Glu	Leu	Phe	Thr
	130					135					140				
Asp	Asn	Lys	Leu	Asn	Asn	Ile	Asn	Asp	Ile	Leu	Lys	Ser	Val	Phe	Leu
	145				150				155					160	
Ile	Phe	Pro	His	Phe	Cys	Leu	Gly	Arg	Gly	Leu	Ile	Asp	Met	Val	Lys
			165					170						175	
Asn	Gln	Ala	Met	Ala	Asp	Ala	Leu	Glu	Arg	Phe	Gly	Glu	Asn	Arg	Phe
			180					185					190		
Val	Ser	Pro	Leu	Ser	Trp	Asp	Leu	Val	Gly	Arg	Asn	Leu	Phe	Ala	Met
		195					200					205			
Ala	Val	Glu	Gly	Val	Val	Phe	Phe	Leu	Ile	Thr	Val	Leu	Ile	Gln	Tyr
	210					215					220				
Arg	Phe	Phe	Ile	Arg	Pro	Arg	Pro	Val	Asn	Ala	Lys	Leu	Ser	Pro	Leu
	225				230				235					240	
Asn	Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Val	Arg	Arg	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Leu	Asp
			245					250					255		
Gly	Gly	Gly	Gln	Asn	Asp	Ile	Leu	Glu	Ile	Lys	Glu	Leu	Thr	Lys	Ile
			260				265					270			
Tyr	Arg	Arg	Lys	Arg	Lys	Pro	Ala	Val	Asp	Arg	Ile	Cys	Val	Gly	Ile
	275					280					285				
Pro	Pro	Gly	Glu	Cys	Phe	Gly	Leu	Leu	Gly	Val	Asn	Gly	Ala	Gly	Lys
	290					295					300				

164/175

Ser Ser Thr Phe Lys Met Leu Thr Gly Asp Thr Thr Val Thr Arg Gly
 305 310 315 320
 Asp Ala Phe Leu Asn Lys Asn Ser Ile Leu Ser Asn Ile His Glu Val
 325 330 335
 His Gln Asn Met Gly Tyr Cys Pro Gln Phe Asp Ala Ile Thr Glu Leu
 340 345 350
 Leu Thr Gly Arg Glu His Val Glu Phe Phe Ala Leu Leu Arg Gly Val
 355 360 365
 Pro Glu Lys Glu Val Gly Lys Val Gly Glu Trp Ala Ile Arg Lys Leu
 370 375 380
 Gly Leu Val Lys Tyr Gly Glu Lys Tyr Ala Gly Asn Tyr Ser Gly Gly
 385 390 395 400
 Asn Lys Arg Lys Leu Ser Thr Ala Met Ala Leu Ile Gly Gly Pro Pro
 405 410 415
 Val Val Phe Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Met Asp Pro Lys Ala Arg
 420 425 430
 Arg Phe Leu Trp Asn Cys Ala Leu Ser Val Val Lys Glu Gly Arg Ser
 435 440 445
 Val Val Leu Thr Ser His Ser Met Glu Glu Cys Glu Ala Leu Cys Thr
 450 455 460
 Arg Met Ala Ile Met Val Asn Gly Arg Phe Arg Cys Leu Gly Ser Val
 465 470 475 480
 Gln His Leu Lys Asn Arg Phe Gly Asp Gly Tyr Thr Ile Val Val Arg
 485 490 495
 Ile Ala Gly Ser Asn Pro Asp Leu Lys Pro Val Gln Asp Phe Phe Gly
 500 505 510
 Leu Ala Phe Pro Gly Ser Val Leu Lys Glu Lys His Arg Asn Met Leu
 515 520 525
 Gln Tyr Gln Leu Pro Ser Ser Leu Ser Ser Leu Ala Arg Ile Phe Ser
 530 535 540
 Ile Leu Ser Gln Ser Lys Lys Arg Leu His Ile Glu Asp Tyr Ser Val
 545 550 555 560
 Ser Gln Thr Thr Leu Asp Gln Val Phe Val Asn Phe Ala Lys Asp Gln
 565 570 575
 Ser Asp Asp Asp His Leu Lys Asp Leu Ser Leu His Lys Asn Gln Thr
 580 585 590
 Val Val Asp Val Ala Val Leu Thr Ser Phe Leu Gln Asp Glu Lys Val
 595 600 605
 Lys Glu Ser Tyr Val
 610

<210> 142

<211> 2214

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

165/175

<221> CDS

<222> (81).. (734)

<400> 142

```
tcctgcaggg ggcaccagag atcttggaca ggcaaaactgc agcccttctg catggaacca 60
tcattcctgga ctgtgtcaac atggacctta aaattggaaa ggcaacccca aaggacagca 120
aataatgtgga gaaactagag gcccttttcc cagacctacc caagagaaat gatatatattg 180
attccctaca aaaggcaaag ttgatgtat caggactgac cactgagcag atgtgagaa 240
aagaccagaa gactatctat agacaaggcg tcaagggtggc cattagtgc atatatatgg 300
atttggagat ctgtgaagtc ctggaacgct cccactctcc acccctgaag ctgaccctg 360
cctcaagtac ccacctaac ctccatgcct atcttcaagg caacaccag gtctctcgaa 420
agaaaacttct gcccctgctc caggaagccc tgtcagcata ttttgactcc atgaagatcc 480
cttcaggaca gcctgagaca gcagatgtgt ccaggagca agtggacaag gaattggaca 540
gggcaagtaa ctccctgatt tctggcctga gtcaagatga ggaggaccct ccgtgcccc 600
cgacgcccat gaacagcttg gtggatgagt gccctctaga tcaggggctg cctaaactct 660
ctgttgagggc cgtcttcgag aagtgcagtc agatctcact gtcacagtct accacagcct 720
ccctgtccaa gaagtgaactg ttgagaggcg aggaggtagt gggtgaggct acctgactca 780
cttcaaattgc atgttttgag atgtttggag attcagcaat tctgtcttca ttgtccagg 840
atctggtata ctgtttcat aaaactgaga ggagaaaaaa agtgaagaa agcagotgct 900
ttaagaatgg tttccacct tttcccccata atctctacca atcagacaca ttttattatt 960
taaattotgoa cctctctota ttttatttgo caggggcacg atgtgacata tctgcagtcc 1020
cagcacagtg ggacaaaaag aatttagacc ccaaaagtgt cctcggcctg gatcttgaac 1080
agaaccagta tctgtcatgg aactgaacat tcctcgatgg totccatgta ttcatttatt 1140
cacttgttca ttcgaattatt tattgaatac ctgcctcaag ctagagagaa aagagagtgc 1200
gctttggaaa tttattccag ttttcagcct acagocagatt atcagctcgg tgacttttct 1260
ttctgccacc atttaggtga tgggttttga ttcagagatg gctgaatttc tattottago 1320
ttattgtgac tgtttcagat ctagtttggg aacagattag aggccattgt cttctgtcct 1380
gatcaggtgg cctggotgtt totttggatc cototgtccc agagccaccc agaaccctga 1440
ctcttgagaa tcaagaaaaac acccagaaag gcottaatga cctcataggo actcttccaa 1500
aaagacaaca gaactggaat gagaggcctg ggtctgtctc ctgccttagc aggccatcca 1560
atttcttgtc aatctctttt tttccttgct cacattaaaa ggaagcatgg agttctaattg 1620
ctcccataaa ctatgtattt tggcaagaca cttaactact ccaggcctca ctttcccat 1680
ctgtaaaaca gggtttggac taggtgttcc ctggtattct gtgatctgco tottgctgco 1740
attctttctc tcctctgctt ctctgtattt ttctctgtt atccctgggg gtgctcaggt 1800
tcacttgatt gtctgtattt ctgtgtggtt gtagcaagga ctcagcctca ttagcacga 1860
ataggggtgt ggttcatggc gtgtgaccc agcagagcao tccctcccac taacttggtc 1920
tgcatgtgta gactctcccc attttttta acgcaaccct tttccctttt tccctaccoca 1980
cagctctggt ccatgtaagt tgccaacagt ttcactgaac agtggggtat gtgatggtt 2040
tggcatgaca tottoagtat gagggggaca gtttgacttc actttgaggg tgtgatgtct 2100
gtagctatgt ggaaggtaaa aatagtgtg tgatcatgaa ccaaaggaa ttatgtttt 2160
taacttgggt actttatttt gcattttgtt atactattaa ataattttt cctg 2214
```

<210> 143

<211> 218

<212> PRT

<213> Homo sapiens

166/175

<400> 143

```

Met Asp Leu Lys Ile Gly Lys Ala Thr Pro Lys Asp Ser Lys Tyr Val
 1           5           10           15
Glu Lys Leu Glu Ala Leu Phe Pro Asp Leu Pro Lys Arg Asn Asp Ile
          20           25           30
Phe Asp Ser Leu Gln Lys Ala Lys Phe Asp Val Ser Gly Leu Thr Thr
          35           40           45
Glu Gln Met Leu Arg Lys Asp Gln Lys Thr Ile Tyr Arg Gln Gly Val
          50           55           60
Lys Val Ala Ile Ser Ala Ile Tyr Met Asp Leu Glu Ile Cys Glu Val
          65           70           75           80
Leu Glu Arg Ser His Ser Pro Pro Leu Lys Leu Thr Pro Ala Ser Ser
          85           90           95
Thr His Pro Asn Leu His Ala Tyr Leu Gln Gly Asn Thr Gln Val Ser
          100          105          110
Arg Lys Lys Leu Leu Pro Leu Leu Gln Glu Ala Leu Ser Ala Tyr Phe
          115          120          125
Asp Ser Met Lys Ile Pro Ser Gly Gln Pro Glu Thr Ala Asp Val Ser
          130          135          140
Arg Glu Gln Val Asp Lys Glu Leu Asp Arg Ala Ser Asn Ser Leu Ile
          145          150          155          160
Ser Gly Leu Ser Gln Asp Glu Glu Asp Pro Pro Leu Pro Pro Thr Pro
          165          170          175
Met Asn Ser Leu Val Asp Glu Cys Pro Leu Asp Gln Gly Leu Pro Lys
          180          185          190
Leu Ser Ala Glu Ala Val Phe Glu Lys Cys Ser Gln Ile Ser Leu Ser
          195          200          205
Gln Ser Thr Thr Ala Ser Leu Ser Lys Lys
          210          215

```

<210> 144

<211> 1750

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (158).. (1492)

<400> 144

```

acttcgggtc gtgggccatg cggggggcgg gcccggaacc gccacggcta gaagaagtot 60
tcaattccca ggagagccaa agcgtgtctg gccctaggtg ggaaaagaac tggctgtgac 120
ctttgcootg acctggaagg gcccagcctt gggotgaatg gcagcaccca cggccgcccg 180
tccgggtgctg acccacctgc tgggtggctct ctloggcatt ggctcctggg ctgcggtcaa 240
tgggatctgg gtggagctac ctgtgggtgt caaagagctt ccagagggtt ggagcctccc 300
ctcttaagtc totgtgottg tggotctggg gaacctgggt ctgctggtgg tgacctotg 360
gaggaggctg gcccaggaa aggacgagca ggtcccoatc ogggtggtgc aggtgctggg 420

```

167/175

```

catggtgggc acagccctgc tggcctctct gtggcaccat gtggccccag tggcaggaca 480
gttgcaattct gtggccttct tagcaactggc ctttgtgctg gcactggcat gctgtgccto 540
gaatgtcaact ttccctgccct tcttgagcca cctgccacct cgcttcttac ggtcattctt 600
cctgggtcaa ggccctgagtg ccctgctgcc ctgogtgctg gccctagtgc aggggtgtggg 660
ccgcctcgag tgccccccag ccccatcaa cggcaacctt ggccccccgc tcgacttctt 720
tgagcgtttt cccgccagca ctttctctg ggcaactgact gcccttcttg tcgcttcagc 780
tgctgccttc cagggtcttc tgctgctgtt gccgccacca ccatctgtac ccacagggga 840
gttaggatca ggccctccagg tgggagcccc aggagcagag gaagaggtgg aagagtcctc 900
accactgcaa gagccaccaa gccaggcagc aggcaaccac cctggtccag accctaaggc 960
ctatcagctt ctatcagccc gcagtgcctg cctgctgggc ctgttggccg ccaccaacgc 1020
gctgaccaat ggctgtgctg ctgccgtgca gagcttttcc tgcctaccct acgggctgtt 1080
ggcctaccac ctggctgttg tgctgggcag tgctgccaat cccctggcct gcttccctgg 1140
catgggtgtg ctgtgcaggt ccttggcagg gctgggcggc ctctctctgc tgggogtgtt 1200
ctgtgggggc tacctgatgg cgctggcagt cctgagcccc tgcccgcccc tgggtgggac 1260
ctoggggggg gtggtcctog tgggtctgtc gtgggtgctg tgtcttggcg tgttctcta 1320
cgtgaagggt gcagccagct ccctgtgca tggggggggc cggccggcat tgctggcagc 1380
cggcgtggcc atccagggtg gctctctgct cggcgctgtt gctatgttcc ccccgaccag 1440
catctatcac gtgttccaca gcagaaagga ctgtgcagac ccctgtgact cctgagcctg 1500
ggcagggtgg gagcccgcto cccaacacct gtotttccct caatgctgcc accatgcctg 1560
agtgcctgca gcccaggagg cccgcacacc ggtacactcg tggacacctc cacactccat 1620
aggagatcct ggctttccag ggtgggcaag ggcaaggagc aggcctggag ccagggacca 1680
gtgggggctg tagggtaaag ccctgagcct gggacctaca tgtggtttgc gtaataaaac 1740
atttgtattt

```

<210> 145

<211> 445

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 145

```

Met Ala Ala Pro Thr Pro Ala Arg Pro Val Leu Thr His Leu Leu Val
1      5      10      15
Ala Leu Phe Gly Met Gly Ser Trp Ala Ala Val Asn Gly Ile Trp Val
20      25      30
Glu Leu Pro Val Val Val Lys Glu Leu Pro Glu Gly Trp Ser Leu Pro
35      40      45
Ser Tyr Val Ser Val Leu Val Ala Leu Gly Asn Leu Gly Leu Leu Val
50      55      60
Val Thr Leu Trp Arg Arg Leu Ala Pro Gly Lys Asp Glu Gln Val Pro
65      70      75      80
Ile Arg Val Val Gln Val Leu Gly Met Val Gly Thr Ala Leu Leu Ala
85      90      95
Ser Leu Trp His His Val Ala Pro Val Ala Gly Gln Leu His Ser Val
100     105     110
Ala Phe Leu Ala Leu Ala Phe Val Leu Ala Leu Ala Cys Cys Ala Ser
115     120     125
Asn Val Thr Phe Leu Pro Phe Leu Ser His Leu Pro Pro Arg Phe Leu

```

168/175

130		135		140
Arg Ser Phe Phe Leu Gly Gln Gly Leu Ser Ala Leu Leu Pro Cys Val				
145		150		155
Leu Ala Leu Val Gln Gly Val Gly Arg Leu Glu Cys Pro Pro Ala Pro				160
		165		170
Ile Asn Gly Thr Pro Gly Pro Pro Leu Asp Phe Leu Glu Arg Phe Pro				175
		180		185
Ala Ser Thr Phe Phe Trp Ala Leu Thr Ala Leu Leu Val Ala Ser Ala				190
		195		200
Ala Ala Phe Gln Gly Leu Leu Leu Leu Pro Pro Pro Pro Ser Val				205
		210		215
Pro Thr Gly Glu Leu Gly Ser Gly Leu Gln Val Gly Ala Pro Gly Ala				220
		225		230
Glu Glu Glu Val Glu Glu Ser Ser Pro Leu Gln Glu Pro Pro Ser Gln				235
		245		250
Ala Ala Gly Thr Thr Pro Gly Pro Asp Pro Lys Ala Tyr Gln Leu Leu				255
		260		265
Ser Ala Arg Ser Ala Cys Leu Leu Gly Leu Leu Ala Ala Thr Asn Ala				270
		275		280
Leu Thr Asn Gly Val Leu Pro Ala Val Gln Ser Phe Ser Cys Leu Pro				285
		290		295
Tyr Gly Arg Leu Ala Tyr His Leu Ala Val Val Leu Gly Ser Ala Ala				300
		305		310
Asn Pro Leu Ala Cys Phe Leu Ala Met Gly Val Leu Cys Arg Ser Leu				315
		325		330
Ala Gly Leu Gly Gly Leu Ser Leu Leu Gly Val Phe Cys Gly Gly Tyr				335
		340		345
Leu Met Ala Leu Ala Val Leu Ser Pro Cys Pro Pro Leu Val Gly Thr				350
		355		360
Ser Ala Gly Val Val Leu Val Val Leu Ser Trp Val Leu Cys Leu Gly				365
		370		375
Val Phe Ser Tyr Val Lys Val Ala Ala Ser Ser Leu Leu His Gly Gly				380
		385		390
Gly Arg Pro Ala Leu Leu Ala Ala Gly Val Ala Ile Gln Val Gly Ser				395
		405		410
Leu Leu Gly Ala Val Ala Met Phe Pro Pro Thr Ser Ile Tyr His Val				415
		420		425
Phe His Ser Arg Lys Asp Cys Ala Asp Pro Cys Asp Ser				430
		435		440
				445

<210> 146

<211> 2291

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

169/175

<222> (132).. (740)

<400> 146

```

ataatccaca cctactactc aatacctcag aaaatcttgc cttccctaata aatgttgaac 60
cagttacaaa tcatttttatt acacagtggc ttaatgatgt tgactgtttc ttggggcttc 120
atgacagaaa gatgtgtgtt ctgggactct gtgctcttat tgatatggaa cagatacccc 180
aagttttaaa tcaggtttct ggacagattt igccggcttt tatcctttta tttaacggat 240
tgaaaagagc atatgcctgc catgcagAAC atgagaatga cagtgatgat gatgatgaag 300
ctgaagatga tgatgaaacc gaggaactgg ggagtgatga agatgatatt gatgaagatg 360
ggcaagaata tttggagatt ctggctaagc aggcgtggtga agatggagat gatgaagatt 420
gggaagaaga tgatgctgaa gagactgctc tggaaggcta ttccacaatc attgatgatg 480
aagatacccc tttgatgag tatcagatat ttaaagctat ctttcaaaact attcaaaaatc 540
gtaatcctgt gtggtatcag gogctgactc acggtcttaa tgaagaacaa agaaaacagt 600
tacaggacat agcaactctg gctgatcaaa gaagagcagc ccatgaatcc aaaatgattg 660
agaagcatgg aggatacaaa ttcagtgtc cagttgtgcc aagtctttc aattttggag 720
gcccagcacc agggatgaat tgagttatct ctttctttcc tgotgtgtgc ttgtagtga 780
gagcttgtgt tcctcctagt agtggttcca gaactggttc atgttatcta ttotaaacta 840
ataatcaata gatggacaaa agaaacaaca accccaggag atgggacctg atcatgcaac 900
ctggcactgg aaaagaaatc agcgggattt tgggggtggg ggggatggga ggtaccttag 960
agggagtatt ttctttatct tttgaagaaa gtaagatcct gactctgaag cttcaaagtg 1020
acactgtgga aatctgaaac gaggggatgt catgaaggca gcttttcttt ttctgaggaa 1080
aaaataggca tgggctacag gactatttaa aatgtctcat ttacagtata aaactcaaag 1140
gtagatgtaa tttttacacc tatgagtatt tgtccaattt ctgtctcttc ctcaccattg 1200
ggtatctatt ctttatatgt aaataagata aggtcatctg atagccttat tcagttotca 1260
tcattttcat cattgttctt atgtagatta ttggacattt attgtagcac tacataactg 1320
attataaaaa tctgtaaatt aattagcact ttcattatga aacaagcctg ctagcctatg 1380
tataaaatag caaaatgttt gctgtttata aaaagatgta atgggggtggg gggcaggggt 1440
aatttcaagt tattaattta aaaatgaact agcaattttg tacctgggtga ctttgtgtgtg 1500
cactcacctc tgatagtac ttgaattcgg tatgtaaaaa ggggttagtg gtatttcatt 1560
gctgctaaaa atgacaactc cctctgtgtc ctgtttttct taaagctgtc agtgtacaag 1620
tgggtatttg aataccagac cttactgtaa aaaataaaaa aggtggtatc tagagcatgt 1680
aaattggata taaagtcttg ctcttaaaga gttgatctaa gagtatggct aaacatctat 1740
atatgcaatc tattaaaaga acttaattcg gctattatgt cttgatttga ttgcagtttt 1800
ttcctaatta taacaaattt ttctcattg gcctgttttt aatcctgtgc ctagaaggag 1860
tacaaaatgc aacttttaca aaattgatat ttaacactta ccaactcccc ttccccatc 1920
tcttctaccg ctcttggtga tctgtgtatc tgatcttgac tagataggct gaaggcacat 1980
ggttcctcc aaaaaccact attgatacca ctacaaaaac aagccagcaa aaagatactg 2040
tagagagggt ggcttgcttc cctctcttcc taactgcatg ttgaaaaata agcogttatt 2100
gatcttaaac atcggtcaga tgagtcatac attgggttat tttttatata catgtataca 2160
caaaatattt caaattgaaa gcaacatctt aatggattca aaactattac aagctgttgt 2220
ctaaaaacag tgagaaaaaa atttataact gtaaaaaaca atgcacatat tgatatttaa 2280
aatgcgtaat t
2291

```

<210> 147

<211> 203

<212> PRT

<213> Homo sapiens

170/175

<400> 147

```

Met Cys Val Leu Gly Leu Cys Ala Leu Ile Asp Met Glu Gln Ile Pro
 1           5           10           15
Gln Val Leu Asn Gln Val Ser Gly Gln Ile Leu Pro Ala Phe Ile Leu
      20           25           30
Leu Phe Asn Gly Leu Lys Arg Ala Tyr Ala Cys His Ala Glu His Glu
      35           40           45
Asn Asp Ser Asp Asp Asp Asp Glu Ala Glu Asp Asp Asp Glu Thr Glu
      50           55           60
Glu Leu Gly Ser Asp Glu Asp Asp Ile Asp Glu Asp Gly Gln Glu Tyr
      65           70           75           80
Leu Glu Ile Leu Ala Lys Gln Ala Gly Glu Asp Gly Asp Asp Glu Asp
      85           90           95
Trp Glu Glu Asp Asp Ala Glu Glu Thr Ala Leu Glu Gly Tyr Ser Thr
      100          105          110
Ile Ile Asp Asp Glu Asp Asn Pro Val Asp Glu Tyr Gln Ile Phe Lys
      115          120          125
Ala Ile Phe Gln Thr Ile Gln Asn Arg Asn Pro Val Trp Tyr Gln Ala
      130          135          140
Leu Thr His Gly Leu Asn Glu Glu Gln Arg Lys Gln Leu Gln Asp Ile
      145          150          155          160
Ala Thr Leu Ala Asp Gln Arg Arg Ala Ala His Glu Ser Lys Met Ile
      165          170          175
Glu Lys His Gly Tyr Lys Phe Ser Ala Pro Val Val Pro Ser Ser
      180          185          190
Phe Asn Phe Gly Gly Pro Ala Pro Gly Met Asn
      195          200

```

<210> 148

<211> 2148

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (64).. (1812)

<400> 148

```

gcgtgaagcg cggacctttc aacaagggtc ttattaattc tcacgtgog gccccggaaa 60
gcgatggagg tggcgggtaa ttgtcccta cgggtgaaga gacctctgtt ggatccccgc 120
ttcgagggtt acaagctotc tcttgagccg ctgccttggt accagctgga gcttgacgca 180
gctgtggcag aggtaaaact tcgagatgat caatatacac tggaacacat gcatgctttt 240
ggaatgtata attacctgca ctgtgattca tggatcaag acagtgtcta ctatattgat 300
acccttggaa gaattatgaa ttaacagta atgctggaca ctgccttagg aaaaccaoga 360
gaggtgtttc gacttcctac agatttgaca gcatgtgaca accgtctttg tgcattctatc 420
catttctcat cttctacctg ggttaccttg tcagatggaa ctggaagatt gtatgtcatt 480

```

171/175

```

ggaacagggtg aacgtggaaa tagcgcttct gaaaaatggg agattatgtt taatgaagaa 540
cttgggggac cttttattat aattcacagt atctcactgc taaatgctga agaacattct 600
atagctaccc tacttcttcg aatagagaaa gaggaattgg atatgaaagg aagtggtttc 660
tatgtttctc tggagtgggt cactatcagt aagaaaaatc aagataataa aaaatatgaa 720
attattaagc gtgatattct cctggaaaag tcagtgccac attatgctgc tattgagcct 780
gatggaaatg gtctaataatggt tgtatcctac aagtctttta catttgttca ggctgggtcaa 840
gatcttgaag aaaatatgga tgaagacata tcagagaaaa tcaaagaacc tctgtattac 900
tggcaacaga ctgaagatga tttgacagta accatacggc ttccagaaga cagtactaag 960
gaggacattc aaatacagtt tttgcctgat cacatcaaca ttgtactgaa ggatcaccag 1020
tttttagaag gaaaaotcta ttcactctatt gatcatgaaa gcagtacatg gataattaaa 1080
gagagtaata gcttggagat ttctgtgatt aagaagaatg aaggactgac ctggccagag 1140
ctagtaattg gagataaaca aggggaactt ataagagatt cagcccagtg tgcgtcaata 1200
gctgaacgtt tgatgcattt gacctctgaa gaactgaatc caaatccaga taaagaaaaa 1260
ccaccttgca gtgtcgaaga gttagaagaa tgtgatattt totttgaaga gagctccagt 1320
ttatgcagat ttgatggcaa tacattaaaa actactcatg tggatgaatct tggaagcaac 1380
cagtaccttt tctctgtcat agtggatcct aaagaaatgc cctgcttctg tttgcgccat 1440
gatgttgatg cctactctg gcaaccacac tccagcaaac aagatgatat gtgggagcac 1500
atcgcaactt tcaatgcttt aggtatgtc caagcatcaa agagagacaa aaaatttttt 1560
gootgtgctc caaattactc gtatgcagcc ctttgtgagt gccttcgtcg agtattcatc 1620
tatcgtcagc ctgctcccat gtccactgta ctttacaaca gaaaggaagg caggcaagta 1680
ggacagggtg ctaagcagca agtagcaagc ctagaaacca atgatcctat tttaggattt 1740
caggcaacaa atgagagatt atttgttctt actaccaaaa acctcttttt aataaaaagta 1800
aatacagaga attaattatt ctaacatatt ggctcttttg tactggaaaa gtattcagtg 1860
gtacctggag gtctggacag ttatactgta acctcttaag ttttaatgtg ctaaatatat 1920
cttgtatgat tttttatttt ttaataacat tggaaatata ttcaagagat tatgattctg 1980
taaagctgtg gaatgaagct gcagatttag agaacattgg cttctgaaaa aaaaaaagag 2040
tgaagatagt actagcaagt ataacttattt tttaaaacag gctagaatct catgttttat 2100
atgaaagatg tacaattcag tgtttaaaaa taaaaatatt tatttgtt 2148

```

<210> 149

<211> 583

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 149

```

Met Glu Val Ala Ala Asn Cys Ser Leu Arg Val Lys Arg Pro Leu Leu
 1          5          10          15
Asp Pro Arg Phe Glu Gly Tyr Lys Leu Ser Leu Glu Pro Leu Pro Cys
 20          25          30
Tyr Gln Leu Glu Leu Asp Ala Ala Val Ala Glu Val Lys Leu Arg Asp
 35          40          45
Asp Gln Tyr Thr Leu Glu His Met His Ala Phe Gly Met Tyr Asn Tyr
 50          55          60
Leu His Cys Asp Ser Trp Tyr Gln Asp Ser Val Tyr Tyr Ile Asp Thr
 65          70          75          80
Leu Gly Arg Ile Met Asn Leu Thr Val Met Leu Asp Thr Ala Leu Gly
 85          90          95

```

172/175

Lys Pro Arg Glu Val Phe Arg Leu Pro Thr Asp Leu Thr Ala Cys Asp
 100 105 110
 Asn Arg Leu Cys Ala Ser Ile His Phe Ser Ser Ser Thr Trp Val Thr
 115 120 125
 Leu Ser Asp Gly Thr Gly Arg Leu Tyr Val Ile Gly Thr Gly Glu Arg
 130 135 140
 Gly Asn Ser Ala Ser Glu Lys Trp Glu Ile Met Phe Asn Glu Glu Leu
 145 150 155 160
 Gly Asp Pro Phe Ile Ile Ile His Ser Ile Ser Leu Leu Asn Ala Glu
 165 170 175
 Glu His Ser Ile Ala Thr Leu Leu Leu Arg Ile Glu Lys Glu Glu Leu
 180 185 190
 Asp Met Lys Gly Ser Gly Phe Tyr Val Ser Leu Glu Trp Val Thr Ile
 195 200 205
 Ser Lys Lys Asn Gln Asp Asn Lys Lys Tyr Glu Ile Ile Lys Arg Asp
 210 215 220
 Ile Leu Arg Gly Lys Ser Val Pro His Tyr Ala Ala Ile Glu Pro Asp
 225 230 235 240
 Gly Asn Gly Leu Met Ile Val Ser Tyr Lys Ser Leu Thr Phe Val Gln
 245 250 255
 Ala Gly Gln Asp Leu Glu Glu Asn Met Asp Glu Asp Ile Ser Glu Lys
 260 265 270
 Ile Lys Glu Pro Leu Tyr Tyr Trp Gln Gln Thr Glu Asp Asp Leu Thr
 275 280 285
 Val Thr Ile Arg Leu Pro Glu Asp Ser Thr Lys Glu Asp Ile Gln Ile
 290 295 300
 Gln Phe Leu Pro Asp His Ile Asn Ile Val Leu Lys Asp His Gln Phe
 305 310 315 320
 Leu Glu Gly Lys Leu Tyr Ser Ser Ile Asp His Glu Ser Ser Thr Trp
 325 330 335
 Ile Ile Lys Glu Ser Asn Ser Leu Glu Ile Ser Leu Ile Lys Lys Asn
 340 345 350
 Glu Gly Leu Thr Trp Pro Glu Leu Val Ile Gly Asp Lys Gln Gly Glu
 355 360 365
 Leu Ile Arg Asp Ser Ala Gln Cys Ala Ala Ile Ala Glu Arg Leu Met
 370 375 380
 His Leu Thr Ser Glu Glu Leu Asn Pro Asn Pro Asp Lys Glu Lys Pro
 385 390 395 400
 Pro Cys Ser Ala Gln Glu Leu Glu Glu Cys Asp Ile Phe Phe Glu Glu
 405 410 415
 Ser Ser Ser Leu Cys Arg Phe Asp Gly Asn Thr Leu Lys Thr Thr His
 420 425 430
 Val Val Asn Leu Gly Ser Asn Gln Tyr Leu Phe Ser Val Ile Val Asp
 435 440 445
 Pro Lys Glu Met Pro Cys Phe Cys Leu Arg His Asp Val Asp Ala Leu
 450 455 460
 Leu Trp Gln Pro His Ser Ser Lys Gln Asp Asp Met Trp Glu His Ile
 465 470 475 480

173/175

Ala Thr Phe Asn Ala Leu Gly Tyr Val Gln Ala Ser Lys Arg Asp Lys
 485 490 495
 Lys Phe Phe Ala Cys Ala Pro Asn Tyr Ser Tyr Ala Ala Leu Cys Glu
 500 505 510
 Cys Leu Arg Arg Val Phe Ile Tyr Arg Gln Pro Ala Pro Met Ser Thr
 515 520 525
 Val Leu Tyr Asn Arg Lys Glu Gly Arg Gln Val Gly Gln Val Ala Lys
 530 535 540
 Gln Gln Val Ala Ser Leu Glu Thr Asn Asp Pro Ile Leu Gly Phe Gln
 545 550 555 560
 Ala Thr Asn Glu Arg Leu Phe Val Leu Thr Thr Lys Asn Leu Phe Leu
 565 570 575
 Ile Lys Val Asn Thr Glu Asn
 580

<210> 150

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 150

agcaucgagu cggccuuguu ggccuacugg

30

<210> 151

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 151

gcggctgaag acggcctatg tggccttttt tttttttttt tt

42

<210> 152

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

174/175

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 152

agcatcgagt cggccttggt g

21

<210> 153

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 153

gcggctgaag acggcctatg t

21

<210> 154

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 154

tacggaagtg ttacttctgc

20

<210> 155

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 155

tgtgggaggt tttttctcta

20

<210> 156

<211> 17

175/175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 156

gttttcccag tcacgac

17

<210> 157

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 157

caggaaacag ctatgac

17

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/05063

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02,
C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02,
C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq, MEDLINE (STN)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO, 98/37094, A2 (GENETICS INST. INC.), 27 August, 1998 (27.08.98) & AU, 9863373, A & EP, 971950, A2	1-13
P, X	WO, 99/55858, A2 (METAGEN GES. GENOMFORSCHUNG MBH), 04 November, 1999 (04.11.99) & DE, 19820190, A1	1-13
P, X	SUZUKI Y. et al., "Statistical analysis of the 5' untranslated region of human mRNA using "Oligo-Capped" cDNA libraries", Genomics (March 2000) Vol.64, No.3, pp.286-297	1-13

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not

considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing

date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is

cited to establish the publication date of another citation or other

special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other

means

"P" document published prior to the international filing date but later

than the priority date claimed

"I" later document published after the international filing date or

priority date and not in conflict with the application but cited to

understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be

considered novel or cannot be considered to involve an inventive

step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be

considered to involve an inventive step when the document is

combined with one or more other such documents, such

combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
19 October, 2000 (19.10.00)Date of mailing of the international search report
31 October, 2000 (31.10.00)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/05063

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

The inventions as set forth in claims 1 to 13 are classified into 75 groups of inventions, i.e., inventions relating to DNA containing the base sequences represented in SEQ ID NOS : 1, 3, 5, 7, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146 and 148 (each corresponding to a part of claims 1 to 13) and these groups of inventions are not considered as relating to a group of inventions so linked as to form a single general inventive concept.

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
Inventions relating to DNA containing the base sequence represented by SEQ ID NO:1 as set forth in claims 1 to 13.

Remark on Protest ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

国際調査報告

国際出願番号 PCT/JPO0/05063

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02, C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02, C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq, MEDLINE (STN)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	WO, 98/37094, A2 (GENETICS INST. INC.) 27. 8月. 1998 (27. 08. 98) & AU, 9863373, A & EP, 971950, A2	1-13
P, X	WO, 99/55858, A2 (METAGEN GES. GENOMFORSCHUNG MBH) 4. 11月. 1999 (04. 11. 99) & DE, 19820190, A1	1-13
P, X	SUZUKI, Y. et al. "Statistical analysis of the 5' untranslated region of human mRNA using "Oligo-Capped" cDNA libraries", Genomics (2000. Mar.) Vol. 64, No. 3, p. 286-297	1-13

☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

19. 10. 00

国際調査報告の発送日

31.10.00

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

高堀 栄二



4B

9281

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

第I欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項 (PCT 17条(2)(a)) の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査をすることを要しない対象に係るものである。つまり、
2. ☐ 請求の範囲 _____ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第II欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

請求の範囲1-13に記載された発明は、配列番号1、3、5、7、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148に記載の塩基配列を含むDNAに係る発明群 (それぞれ請求の範囲1-13の一部) の75の発明群に区分され、当該発明群が単一の一般的発明概念を形成するように連関している一群の発明であるとは認められない。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☒ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。

請求の範囲1-13の配列番号1に記載の塩基配列を含むDNAに係る発明

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。